



**PCT** WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM  
Internationales Büro  
INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

<p>(51) Internationale Patentklassifikation <sup>6</sup> : C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00</p>	A2	<p>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: <b>WO 99/46375</b></p> <p>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 16. September 1999 (16.09.99)</p>
<p>(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/00722</p> <p>(22) Internationales Anmeldedatum: 9. März 1999 (09.03.99)</p> <p>(30) Prioritätsdaten: 198 11 194.0 10. März 1998 (10.03.98) DE</p> <p>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).</p> <p>(72) Erfinder; und</p> <p>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).</p>	<p>(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).</p> <p>Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i></p>	
<p>(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM PROSTATE TISSUE</p> <p>(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PROSTATAGEWEBE</p> <p>(57) Abstract</p> <p>The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genomic sequences – of normal prostate tissue which code for gene products or parts thereof, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtainable by way of said sequences and to their use.</p> <p>(57) Zusammenfassung</p> <p>Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus normalem Prostatagewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.</p>		

# **LEDIGLICH ZUR INFORMATION**

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauritanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

### Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Prostatagewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus normalem Prostatagewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine weit verbreitete Krebsart ist der Prostatakrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, die auf einer Blockierung von Hormonwirkungen beruhen, sind sehr häufig nach wenigen Jahren wirkungslos, da der Tumor hormonunabhängig wird, d. h. ohne Hormonwirkung weiterwächst und Metastasen bildet.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d.h. Genen, die verglichen mit dem Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht.

ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist ( > 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind (s. Fig. 1).

Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 - 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und Seq. ID No 217-247 gefunden werden, die als Kandidatengene bei Prostatakrebs eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247,
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und 217-247, die im normalen Prostatagewebe erhöht exprimiert sind

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 hybridisieren.



Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 2500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 2000 bp, insbesondere eine Länge von 400 bis 1900 bp auf.

5 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder  
10 regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

15 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),  
20 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im  
25 einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives  
30 Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

35 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.  
40

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

45 Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die Erfindung betrifft auch Phage-Display Proteine, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 kodiert werden.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostatakrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 als  
5 Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 enthalten.  
10

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

15 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

20 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf  
25 Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für  
30 den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

## Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, volllängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

## Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

## Erklärung der Abbildungen

Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

## Beispiel 1

### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10 Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals  
15 bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet (s. Fig. 2a und 2 b1-2b4).

Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den  
20 nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den  
25 Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der normal Prostata-Gewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (s. Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig,  
35 daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet.

40

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und  
45 Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in

mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

## 5 Beispiel 2

### Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

- 10 Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

#### 2.1 Elektronischer Northern-Blot

- 15 Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J.,  
20 Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten  
25 dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

## 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 10 gefunden, die 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes MVF-1.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
15	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
20	Gehirn	0.0017	0.0088	0.1935	5.1673
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
25	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
30	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
35	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
40	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
45	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
50	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
60	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			



**2.1.2**

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 18 gefunden, die 6x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

5

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 18

10	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	N/T	Verhaeltnisse T/N
	Blase 0.0279	0.0026	10.9109	0.0917
	Brust 0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
15	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0042	0.0033	1.2902	0.7751
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0119	0.0021	5.5932	0.1788
30	Uterus 0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duennndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
35	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
40	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
45	Haematopoetisch 0.0039			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0124			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust 0.0272			
	Eierstock-Uterus 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0012			
60	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0065			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
65	Nerven 0.0020			
	Prostata 0.0192			
	Sinnesorgane 0.0000			



## 2.1.4

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 30 gefunden, die 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereichs betrifft das Gegenstück eines Gens von *thaliana* von *Caenorhabditis elegans*.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
15	Brust	0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock	0.0152	0.0026	5.8431	0.1711
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0025	0.0044	0.5806	1.7224
20	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Lunge	0.0025	0.0024	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0031			
35	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0009			
40		FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0245			
60	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
65	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			

## 2.1.5

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 43 gefunden, die 6x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
10	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0120		0.0044		2.7521	0.3634
15	Eierstock	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0018		0.0027		0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0058		0.0048		1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0122		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0012		0.0024		0.5267	1.8986
25	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0060		0.0000	undef
	Niere	0.0059		0.0068		0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
30	Prostata	0.0119		0.0021		5.5932	0.1788
	Uterus	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145					
	Duenndarm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0037					
	Niere	0.0062					
50	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0137					
	Endokrines Gewebe	0.0000					
60	Foetal	0.0035					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0065					
	Hoden	0.0078					
65	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0050					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					

## 2.1.5

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 59 gefunden, die 5x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
10	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0067	0.0022	3.0579	0.3270
15	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0027	3.3489	0.2986
	Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0068	0.0088	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
20	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0183	0.0117	1.5671	0.6381
	Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
25	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0180	0.8565	1.1675
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0057	0.0166	0.3428	2.9168
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
30	Prostata	0.0333	0.0064	5.2203	0.1916
	Uterus	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0131			
40	FOETUS %Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0123			
	Lunge	0.0148			
	Niere	0.0062			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
60	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northernblots gefunden:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0418	0.0383	1.0911	0.9165
	Brust	0.0267	0.0218	1.2232	0.8176
	Eierstock	0.0122	0.0052	2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023	1.9907
10	Gastrointestinal	0.0136	0.0048	2.8499	0.3509
	Gehirn	0.0093	0.0142	0.6550	1.5267
	Haematopoetisch	0.0224	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0847	0.1175	8.5131
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288
	Lunge	0.0137	0.0071	1.9313	0.5178
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8399	1.1905
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7130	0.5838
20	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0076	0.0110	0.6857	1.4584
	Penis	0.0269	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0143	0.0021	6.7118	0.1490
	Uterus	0.0463	0.0356	1.2997	0.7694
25	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duennndarm	0.0312			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0174			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0370			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.1156			
	Eierstock-Uterus	0.0525			
50	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0151			
	Prostata	0.0385			
	Sinnesorgane	0.0000			



## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0022	2.4463	0.4088
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0008	0.0055	0.1548	6.4591
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0279			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0137			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0518			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			





Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0107	0.0131	0.8154	1.2263
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0097	0.0143	0.6786	1.4737
	Gehirn	0.0170	0.0088	1.9353	0.5167
	Haematopoetisch	0.0098	0.0378	0.2587	3.8650
	Haut	0.0298	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0159	0.0137	1.1561	0.8650
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0112	0.0142	0.7901	1.2657
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
20	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
	Pankreas	0.0038	0.0387	0.0980	10.2089
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0099	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenn darm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0148
	Niere	0.0185
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0068
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0162
55	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0492
	Nerven	0.0161
	Prostata	0.0192
60	Sinnesorgane	0.0077





## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0027	0.0044	0.6116	1.6351
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0034	0.0011	3.0964	0.3230
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
20	Pankreas	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duenndarm	0.0156			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0156			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0017	0.0066	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0087	0.0071	1.2290	0.8137
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4275	0.7005
	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0218			
25	Duenn darm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					



## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 16

	NORMAL		TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit	N/T	T/N
5					
	Blase 0.0046		0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0120		0.0022	5.5042	0.1817
	Eierstock 0.0000		0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe 0.0000		0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0019		0.0048	0.4071	2.4562
	Gehirn 0.0085		0.0219	0.3871	2.5836
	Haematopoetisch 0.0014		0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050		0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000		0.0259	0.0000	undef
15	Herz 0.0032		0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0122		0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0037		0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000		0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0223		0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0000		0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000		0.0000	undef	undef
	Penis 0.0150		0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0071		0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0182		0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0036				
	Duenndarm 0.0000				
	Prostata-Hyperplasie 0.0089				
	Samenblase 0.0267				
	Sinnesorgane 0.0000				
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
35					
	Entwicklung 0.0000				
	Gastrointestinal 0.0062				
	Gehirn 0.0000				
	Haematopoetisch 0.0000				
40	Herz-Blutgefuesse 0.0041				
	Lunge 0.0037				
	Niere 0.0124				
	Prostata 0.0000				
	Sinnesorgane 0.0000				
45					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50					
	Brust 0.0272				
	Eierstock-Uterus 0.0046				
	Endokrines Gewebe 0.0245				
	Foetal 0.0047				
	Gastrointestinal 0.0000				
55	Haematopoetisch 0.0000				
	Haut-Muskel 0.0000				
	Hoden 0.0000				
	Lunge 0.0000				
	Nerven 0.0050				
60	Prostata 0.0128				
	Sinnesorgane 0.0000				



## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 17

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5					
	Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust	0.0053	0.0065	0.8154	1.2263
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0048	0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0042	0.0378	0.1109	9.0183
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0112	0.0071	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4275	0.7005
20	Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0050	0.0071	0.6963	1.4363
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
55	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
60	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0387			

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 19

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0093	0.0128	0.7274	1.3748
	Brust 0.0080	0.0065	1.2232	0.8176
	Eierstock 0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0042	0.0044	0.9676	1.0335
	Haematopoetisch 0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz 0.0032	0.0137	0.2312	4.3248
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0037	0.0118	0.3160	3.1643
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0119	0.0064	1.8644	0.5364
	Uterus 0.0099	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duennndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0062			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0157			
40	Herz-Blutgefuesse 0.0082			
	Lunge 0.0037			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
50	Brust 0.0068			
	Eierstock-Uterus 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0047			
	Gastrointestinal 0.0000			
55	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
60	Prostata 0.0192			
	Sinnesorgane 0.0155			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit		
	Blase	0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
	Brust	0.0013	0.0087	0.1529	6.5404
	Eierstock	0.0061	0.0104	0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0136	0.9377	1.0664
	Gastrointestinal	0.0078	0.0143	0.5428	1.8422
	Gehirn	0.0102	0.0131	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0165	0.1505	6.6450
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9993	1.0007
	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
	Pankreas	0.0076	0.0110	0.6857	1.4584
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9680
	Prostata	0.0167	0.0064	2.6101	0.3831
25	Uterus	0.0066	0.0214	0.3094	3.2316
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
	FOETUS				
35	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0247			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0245			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0247			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50					
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
55	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
60	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5					
	Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0087	0.1529	6.5404
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0025	0.0033	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0047	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
20	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0095	0.0055	1.7142	0.5834
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35		
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0123
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50		
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
55	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0010
60	Prostata	0.0192
	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5					
	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0027	0.0044	0.6116	1.6351
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines Gewebe	0.0109	0.0027	4.0187	0.2488
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0068	0.0011	6.1928	0.1615
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0071	0.1756	5.6957
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
20	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duendarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
FOETUS					
%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0183			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
55	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
60	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5					
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0027	0.0022	1.2232	0.8176
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0025	0.0022	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35					
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50					
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
55	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
60	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0077			

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 28

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef
	Brust	0.0040		0.0000		undef	0.000
	Eierstock	0.0030		0.0052		0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0027		1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0058		0.0048		1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0017		0.0022		0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0028		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0129		0.0000	undef
	Herz	0.0064		0.0000		undef	0.0000
15	Hoden	0.0183		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0050		0.0024		2.1069	0.4746
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0077		1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0059		0.0000		undef	0.0000
20	Pankreas	0.0019		0.0110		0.1714	5.8337
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0119		0.0043		2.7966	0.3576
	Uterus	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
25	Duennndarm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026					
		FOETUS		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0063					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0041					
40	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0041					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0192					
60	Sinnesorgane	0.0000					





## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 31

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0048	0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0000	0.0022	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0122
55	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
60	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 32

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0027	0.0022	1.2232	0.8176
	Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0136	0.4019	2.4884
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036	4.9124
	Gehirn	0.0076	0.0044	1.7417	0.5741
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5076
20	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0142	0.1160	8.6176
25	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenn darm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	FOETUS %Haeufigkeit				
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0154			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0000			
55	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0468			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
60	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0232			

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499
	Brust	0.0013	0.0022	0.6116	1.6351
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0042	0.0077	0.5529	1.8085
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0025	0.0047	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse Blutkoerperchen	0.0017			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0023
	Endokrines Gewebe	0.0000
50	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0093	0.0065	1.4270	0.7008
	Eierstock	0.0091	0.0130	0.7012	1.4262
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0039	0.0190	0.2036	4.9124
10	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0137	0.3854	2.5949
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0089	0.0137	0.6512	1.5355
20	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0154			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
	Lunge	0.0074			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0297			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
50	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0156			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust	0.0013	0.0153	0.0874	11.4458
	Eierstock	0.0091	0.0026	3.5059	0.2852
	Endokrines Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0248	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2312	4.3248
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0261	0.0095	2.7652	0.3616
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0297	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0143	0.0064	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefasse	0.0041			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
50	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0064			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0013	0.0000	undef	0.000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus 0.0050	0.0356	0.1393	7.1813
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
25	Duennndarm 0.0093			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
35	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
40	Niere 0.0062			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
50	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
55	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0064			
	Sinnesorgane 0.0000			
60				

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0325	0.0332	0.9792	1.0213
	Brust	0.0293	0.0196	1.4950	0.6689
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0252	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0085	0.0131	0.6451	1.5502
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0636	0.1649	0.3854	2.5949
15	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0212	0.0165	1.2792	0.7818
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0060	2.2841	0.4378
	Niere	0.0208	0.0137	1.5196	0.6581
20	Pankreas	0.0284	0.0166	1.7142	0.5834
	Penis	0.0000	0.0533	0.0000	undef
	Prostata	0.0048	0.0106	0.4475	2.2349
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duenndarm	0.0218			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0588			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1045			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0148			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines_Gewebe	0.1224			
50	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0291			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0385			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					





## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 42

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0160	0.0044	0.0044	0.0044	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0030	0.0026	0.0026	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines Gewebe	0.0109	0.0082	0.0082	0.0082	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0078	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0042	0.0055	0.0055	0.0055	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0024	0.0024	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0060	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0059	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0057	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0167	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0066	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
25	Duenn darm	0.0031	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0041	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
40	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0136	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
50	Eierstock-Uterus	0.0023	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Foetal	0.0070	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0032	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Nerven	0.0020	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0256	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 44

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0372	0.0230	1.6164	0.6186
	Brust	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0122	0.0130	0.9349	1.0696
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0300	0.4262	2.3462
10	Gastrointestinal	0.0271	0.0333	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0059	0.0471	0.1260	7.9354
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0259	0.1913	5.2277
15	Herz	0.0201	0.0137	1.4644	0.6829
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0274	0.0189	1.4485	0.6904
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0089	0.0137	0.6512	1.5355
	Pankreas	0.0076	0.0166	0.4571	2.1876
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0333	0.0106	3.1322	0.3193
	Uterus	0.0215	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0280			
	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0890			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0222			
	Niere	0.0309			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0183			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0227			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0256			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 46

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0040		0.0131		0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0122		0.0234		0.5194	1.9254
	Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0109		0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0116		0.0095		1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0051		0.0164		0.3096	3.2295
	Haematopoetisch	0.0028		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0085		0.0137		0.6166	1.6218
15	Hoden	0.0061		0.0117		0.5224	1.9144
	Lunge	0.0075		0.0095		0.7901	1.2657
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0030		0.0068		0.4342	2.3033
20	Pankreas	0.0076		0.0055		1.3713	0.7292
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0119		0.0043		2.7966	0.3576
	Uterus	0.0083		0.0071		1.1604	0.8618
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
25	Duendarm	0.0093					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0118					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000					
35	Gastrointestinal	0.0154					
	Gehirn	0.0125					
	Haematopoetisch	0.0157					
	Herz-Blutgefuesse	0.0041					
	Lunge	0.0037					
40	Niere	0.0062					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0140					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0046					
	Endokrines_Gewebe	0.0245					
50	Foetal	0.0117					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0130					
	Hoden	0.0000					
55	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0110					
	Prostata	0.0192					
	Sinnesorgane	0.0000					
60							

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 47

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0093		0.0077		1.2123	0.8249
	Brust	0.0093		0.0283		0.3293	3.0366
	Eierstock	0.0182		0.0052		3.5059	0.2852
	Endokrines Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0504		0.0000		undef	0.0000
10	Gehirn	0.0000		0.0033		0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0495		0.0065		7.6515	0.1307
	Herz	0.0074		0.0137		0.5395	1.8535
15	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120		0.0060		1.9985	0.5004
	Niere	0.0238		0.0000		undef	0.0000
20	Pankreas	0.0511		0.0276		1.8513	0.5402
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0333		0.0149		2.2373	0.4470
	Uterus	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109					
25	Duenn darm	0.1028					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0183					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000					
35	Gastrointestinal	0.0462					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0197					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
40	Niere	0.0062					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0160					
	Endokrines Gewebe	0.0000					
50	Foetal	0.0122					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0324					
	Hoden	0.0000					
55	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0256					
	Sinnesorgane	0.0000					
60							

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 51

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0465		0.0741		0.6271	1.5947
	Brust	0.0386		0.0501		0.7711	1.2968
	Eierstock	0.0334		0.0546		0.6121	1.6336
10	Endokrines Gewebe	0.0310		0.0300		1.0351	0.9661
	Gastrointestinal	0.0252		0.0190		1.3232	0.7558
	Gehirn	0.0458		0.0701		0.6532	1.5310
15	Haematopoetisch	0.0112		0.1135		0.0986	10.1456
	Haut	0.0448		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0347		0.0000		undef	0.0000
20	Herz	0.1123		0.1375		0.8170	1.2240
	Hoden	0.0366		0.0468		0.7835	1.2763
	Lunge	0.0535		0.0449		1.1920	0.8389
25	Magen-Speiserohre	0.0193		0.0153		1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0685		0.1860		0.3684	2.7145
	Niere	0.0119		0.0890		0.1336	7.4857
30	Pankreas	0.0151		0.0828		0.1828	5.4691
	Penis	0.1018		0.0533		1.9092	0.5238
	Prostata	0.0167		0.0064		2.6101	0.3831
35	Uterus	0.0545		0.2634		0.2070	4.8311
	Brust-Hyperplasie	0.0981					
	Duenn darm	0.0312					
40	Prostata-Hyperplasie	0.0386					
	Samenblase	0.0178					
	Sinnesorgane	0.0235					
45	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
50	Entwicklung	0.1383					
	Gastrointestinal	0.0924					
	Gehirn	0.0063					
55	Haematopoetisch	0.0393					
	Herz-Blutgefuesse	0.0654					
	Lunge	0.0592					
60	Niere	0.0309					
	Prostata	0.2992					
	Sinnesorgane	0.0279					
65							
70							
75							
80							
85							
90							
95							
100							

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0022	0.6116	1.6351
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0008	0.0099	0.0860	11.6263
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0119	0.0021	5.5932	0.1788
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0044	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0037			
40	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0200	0.0044	4.5868	0.2180
	Eierstock	0.0152	0.0104	1.4608	0.6846
	Endokrines Gewebe	0.0091	0.0054	1.6745	0.5972
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
10	Gehirn	0.0110	0.0033	3.3545	0.2981
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0071	0.8779	1.1391
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2141	4.6701
	Niere	0.0178	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0043	2.7966	0.3576
	Uterus	0.0050	0.0214	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0540			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0275			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
	Lunge	0.0037			
40	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0558			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0310			
60					



## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0153	0.6062	1.6497
	Brust	0.0053	0.0065	0.8154	1.2263
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0054	1.0047	0.9954
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
10	Gehirn	0.0042	0.0033	1.2902	0.7751
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0129	0.3826	2.6139
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288
	Lunge	0.0100	0.0095	1.0534	0.9493
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0137	0.6512	1.5355
20	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
40	Niere	0.0062
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
50	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 58

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust	0.0080	0.0022	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0109	0.1674	5.9721
10	Gastrointestinal	0.0078	0.0143	0.5428	1.8422
	Gehirn	0.0034	0.0033	1.0321	0.9689
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0895	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2312	4.3248
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0037	0.0142	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0182			
	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
40	Lunge	0.0148			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0160			
50	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
55	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 60

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0068	0.0033	2.0643	0.4844
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
55	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
60	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0022	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0109	0.1674	5.9721
	Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0034	0.0033	1.0321	0.9689
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaessee	0.0041			
	Lunge	0.0037			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

70

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 62

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0026		1.8185	0.5499
	Brust	0.0133		0.0022		6.1158	0.1635
	Eierstock	0.0061		0.0052		1.1686	0.8557
10	Endokrines Gewebe	0.0000		0.0245		0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0078		0.0190		0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0119		0.0022		5.4187	0.1845
	Haematopoetisch	0.0070		0.0757		0.0924	10.8219
	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0099		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0074		0.0275		0.2698	3.7070
	Hoden	0.0000		0.0234		0.0000	undef
	Lunge	0.0050		0.0118		0.4214	2.3732
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0153		0.6300	1.5874
20	Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0119		0.0205		0.5789	1.7275
	Pankreas	0.0038		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0191		0.0043		4.4745	0.2235
25	Uterus	0.0066		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duenn darm	0.0031					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070					
35							
40							
45							
50							
55							
60							

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0844	0.2204	4.5368
	Brust	0.0560	0.0370	1.5110	0.6618
	Eierstock	0.0395	0.0260	1.5192	0.6582
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0245	0.5209	1.9196
	Gastrointestinal	0.0775	0.0857	0.9047	1.1053
10	Gehirn	0.0254	0.0350	0.7257	1.3779
	Haematopoetisch	0.0364	0.0378	0.9610	1.0406
	Haut	0.2188	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0582	0.3401	2.9406
	Herz	0.1112	0.1787	0.6225	1.6064
15	Hoden	0.0183	0.0117	1.5671	0.6381
	Lunge	0.1133	0.0804	1.4097	0.7094
	Magen-Speiserohre	0.0676	0.0307	2.2049	0.4535
	Muskel-Skelett	0.1696	0.0300	5.6530	0.1769
	Niere	0.0684	0.0753	0.9078	1.1016
20	Pankreas	0.0151	0.0607	0.2493	4.0107
	Penis	0.0749	0.1066	0.7019	1.4246
	Prostata	0.0715	0.0106	6.7118	0.1490
	Uterus	0.0611	0.0214	2.8624	0.3494
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
25	Duenn darm	0.0997			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0941			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0670			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0615			
	Gastrointestenstinal	0.0154			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefaessee	0.0041			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0338			
	Gastrointestinal	0.1098			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0421			
	Hoden	0.0312			
55	Lunge	0.2786			
	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0153	0.6062	1.6497
	Brust	0.0160	0.0174	0.9174	1.0901
	Eierstock	0.0091	0.0182	0.5008	1.9967
	Endokrines_Gewebe	0.0201	0.0109	1.8419	0.5429
10	Gastrointestinal	0.0194	0.0333	0.5816	1.7193
	Gehirn	0.0076	0.0219	0.3483	2.8707
	Haematopoetisch	0.0182	0.0378	0.4805	2.0811
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0323	0.3061	3.2673
15	Herz	0.0148	0.0275	0.5395	1.8535
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0174	0.0118	1.4748	0.6781
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9449	1.0583
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2848	0.7783
20	Niere	0.0416	0.0068	6.0782	0.1645
	Pankreas	0.0170	0.0110	1.5428	0.6482
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0191	0.0085	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0149	0.0142	1.0444	0.9575
25	Brust-Hyperplasie	0.0182			
	Duennndarm	0.0187			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0183			
	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0393			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
50	Eierstock-Uterus	0.0571			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0175			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0114			
55	Haut-Muskel	0.0291			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0310			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 217

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
	Blase	0.0039	0.0094	0.4149	2.4102
	Brust	0.0053	0.0028	1.8786	0.5323
	Dickdarm	0.0153	0.0028	5.3823	0.1858
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0114	0.2826	3.5381
	Gehirn	0.0072	0.0060	1.2090	0.8271
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0127	0.3662	2.7307
15	Herz	0.0071	0.0137	0.5169	1.9348
	Hoden	0.0080	0.0059	1.3570	0.7369
	Lunge	0.0107	0.0037	2.8941	0.3455
	Magen-Speiser.	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0048	0.9284	1.0771
	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0940	0.4776
	Prostata	0.0038	0.0013	2.8940	0.3455
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0031	0.0092	0.3368	2.9694
25	Weisse_Blutkoerper.	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0121
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0046
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden_n	0.0167
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0070
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0203
	Prostata_n	0.0121
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000



## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 218

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0117	0.6638	1.5064
	Brust	0.0114	0.0169	0.6784	1.4741
	Dickdarm	0.0115	0.0085	1.3456	0.7432
	Duennndarm	0.0110	0.0107	1.0306	0.9703
10	Eierstock	0.0059	0.0072	0.8295	1.2055
	Endokrines Gewebe	0.0144	0.0038	3.8156	0.2621
	Gehirn	0.0193	0.0110	1.7586	0.5686
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
15	Herz	0.0173	0.0137	1.2552	0.7967
	Hoden	0.0080	0.0059	1.3570	0.7369
	Lunge	0.0165	0.0111	1.4909	0.6707
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0179	0.0048	3.7136	0.2693
	Pankreas	0.0033	0.0442	0.0748	13.3714
	Prostata	0.0085	0.0039	2.1705	0.4607
	T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525	0.7394
	Uterus	0.0093	0.0138	0.6735	1.4847
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096	0.0304	0.3156	3.1685
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0352			
	Sinnesorgane	0.0000			

30

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0185
	Placenta	0.0182
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0513
60	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0586
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0161
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0068
	Prostata_n	0.0182
	Sinnesorgane	0.0077
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 219

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
	Brust	0.0185	0.0211	0.8767	1.1406
	Dickdarm	0.0307	0.0199	1.5378	0.6503
	Duennndarm	0.0082	0.0213	0.3865	2.5875
10	Eierstock	0.0059	0.0334	0.1778	5.6255
	Endokrines_Gewebe	0.0305	0.0266	1.1468	0.8720
	Gehirn	0.0393	0.0189	2.0767	0.4815
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0447	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0118	1.3571	0.7369
	Lunge	0.0282	0.0240	1.1739	0.8519
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0074	2.0875	0.4790
20	Niere	0.0269	0.0193	1.3927	0.7180
	Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0179	0.0065	2.7494	0.3637
	T_Lymphom	0.0177	0.0672	0.2630	3.8026
	Uterus	0.0118	0.0046	2.5703	0.3891
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0226	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0147			
	Penis	0.0188			
	Samenblase	0.0281			
	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0356
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0185
	Placenta	0.0182
45	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0122
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0292
	Hoden_n	0.0167
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0195
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0311
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0090
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0310
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 220

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0088	0.0070	1.2524	0.7985
	Dickdarm	0.0153	0.0085	1.7941	0.5574
	Duenn darm	0.0192	0.0213	0.9018	1.1089
10	Eierstock	0.0059	0.0262	0.2262	4.4200
	Endokrines_Gewebe	0.0337	0.0142	2.3766	0.4208
	Gehirn	0.0156	0.0070	2.2381	0.4468
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0059	2.7142	0.3684
	Lunge	0.0185	0.0111	1.6663	0.6001
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0157	0.0048	3.2497	0.3077
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Prostata	0.0160	0.0065	2.4600	0.4065
	T_Lymphom	0.0152	0.0299	0.5072	1.9717
	Uterus	0.0089	0.0046	1.9277	0.5188
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0164	0.0304	0.5410	1.8483
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0090			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 221

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0047	1.6595	0.6026
	Brust	0.0079	0.0056	1.4090	0.7097
	Dickdarm	0.0057	0.0085	0.6728	1.4864
	Duennndarm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0143	0.2074	4.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0112	0.0106	1.0563	0.9467
	Gehirn	0.0052	0.0040	1.3056	0.7659
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0117	0.0129	0.9021	1.1085
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0074	1.1597	0.8623
20	Niere	0.0179	0.0048	3.7139	0.2693
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0113	0.0065	1.7364	0.5759
	T_Lymphom	0.0000	0.0149	0.0000	undef
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0075	0.0304	0.2480	4.0326
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0118			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0242
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden_n	0.0042
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0195
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0050
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0000
	Prostata_n	0.0121
	Sinnesorgane	0.0774
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 222

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0351	0.0047	7.4677	0.1339
	Brust	0.0070	0.0014	5.0097	0.1996
	Dickdarm	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0035	0.4527	2.2091
	Gehirn	0.0017	0.0060	0.2901	3.4467
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0020	0.0137	0.1477	6.7715
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0039	0.0018	2.1049	0.4751
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0075	0.0026	2.8941	0.3455
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

30

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0185
	Placenta	0.0121
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0340
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0098
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0020
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0000
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 223

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0273	0.0117	2.3233	0.4304
	Brust	0.0150	0.0098	1.5208	0.6576
	Dickdarm	0.0077	0.0028	2.6911	0.3716
	Duennndarm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0089	0.0024	3.7330	0.2679
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0053	0.3018	3.3136
	Gehirn	0.0069	0.0100	0.6963	1.4361
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
15	Herz	0.0081	0.0137	0.5907	1.6929
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0111	0.6139	1.6289
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0128	0.5668	1.7644
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0037	2.3194	0.4311
20	Niere	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8975	1.1142
	Prostata	0.0141	0.0169	0.8348	1.1978
	T_Lymphom	0.0202	0.0075	2.7049	0.3697
	Uterus	0.0177	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0187			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0281			
	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0157
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0046
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0098
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0010
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0023
	Prostata_n	0.0121
	Sinnesorgane	0.0155
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 224

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0018	0.0112	0.1566	6.3876
	Dickdarm	0.0057	0.0057	1.0092	0.9909
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0143	0.4148	2.4109
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0053	0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0029	0.0060	0.4835	2.0680
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0039	0.0037	1.0524	0.9502
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
	Niere	0.0112	0.0048	2.3212	0.4308
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Prostata	0.0066	0.0065	1.0129	0.9872
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

30

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
40	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0098
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0030
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0000
	Prostata_n	0.0243
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 225

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0136	0.5519	1.8120
	Blase	0.0078	0.0023	3.3190	0.3013
	Brust	0.0053	0.0056	0.9393	1.0646
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0072	0.8296	1.2055
	Endokrines Gewebe	0.0177	0.0018	9.9589	0.1004
	Gehirn	0.0075	0.0050	1.5087	0.6628
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0088	0.0111	0.7893	1.2669
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0074	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0090	0.0048	1.8570	0.5385
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Prostata	0.0113	0.0013	8.6822	0.1152
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
25	Weisse Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0127			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden_n	0.0167			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0040			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar Uterus	0.0180			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			



Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 226

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0056	0.9393	1.0646
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0053	0.3018	3.3136
	Gehirn	0.0035	0.0020	1.7408	0.5745
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0059	0.0000	undef
	Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0048	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0046
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0070
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0023
	Prostata_n	0.0182
	Sinnesorgane	0.0077
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 227

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0094	0.0000	undef
	Brust	0.0025	0.0089	0.2799	3.5727
	Dickdarm	0.0057	0.0228	0.2523	3.9638
	Duenn darm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0095	0.6222	1.6073
	Endokrines_Gewebe	0.0096	0.0033	2.9275	0.3416
	Gehirn	0.0134	0.0050	2.6904	0.3717
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0081	0.0137	0.5907	1.6928
	Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0049	0.0037	1.3158	0.7600
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0074	0.0000	undef
20	Niere	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0092	0.3604	2.7748
	Prostata	0.0113	0.0078	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0033	0.0173	0.1901	5.2613
	Uterus	0.0118	0.0046	2.5702	0.3891
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0023	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0047			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
35	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0125			
	Eierstock_t	0.0379			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0066			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0090			
	Hoden_n	0.0169			
60	Hoden_t	0.0228			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0191			
	Niere_t	0.0495			
65	Ovar_Uterus	0.0325			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0077			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 228

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0094	0.0000	undef
	Brust	0.0070	0.0056	1.2524	0.7985
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0148	0.0048	3.1108	0.3215
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0018	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0064	0.0060	1.0638	0.9400
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0019	0.0074	0.2631	3.8007
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0057	0.0026	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			

30

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
45	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden_n	0.0042
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0098
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0060
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0023
	Prostata_n	0.0182
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 229

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0039	0.0023	1.6595	0.6026
	Brust	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0019	0.0028	0.6728	1.4864
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0059	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0018	0.5262	1.9004
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

30

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0000
	Prostata_n	0.0121
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 230

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0136	0.3679	2.7181
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0042	1.2524	0.7985
	Dickdarm	0.0038	0.0057	0.6728	1.4864
	Duennndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0148	0.0072	2.0739	0.4822
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0106	0.7545	1.3254
	Gehirn	0.0046	0.0060	0.7737	1.2925
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0018	0.5262	1.9004
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0185	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0022	0.0048	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0013	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Uterus	0.0015	0.0230	0.0643	15.5627
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0151
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden_n	0.0376
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0098
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0100
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0045
	Prostata_n	0.0182
	Sinnesorgane	0.0310
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 231

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Blase	0.0117	0.0047	2.4892	0.4017
	Brust	0.0053	0.0028	1.8786	0.5323
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0110	0.0213	0.5153	1.9406
10	Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4109
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0053	1.2071	0.8284
	Gehirn	0.0064	0.0140	0.4559	2.1934
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0254	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0059	0.0000	undef
	Lunge	0.0068	0.0055	1.2278	0.8144
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0067	0.0096	0.6964	1.4360
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0104	0.0039	2.6529	0.3769
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
35	Entwicklung	0.0418			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
50	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0030			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 232

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590		
	Blase	0.0117	0.0094	1.2446	0.8035		
	Brust	0.0150	0.0056	2.6614	0.3757		
	Dickdarm	0.0038	0.0199	0.1922	5.2023		
	Duenn darm	0.0110	0.0000	undef	0.0000		
10	Eierstock	0.0119	0.0215	0.5530	1.8082		
	Endokrines Gewebe	0.0048	0.0053	0.9054	1.1045		
	Gehirn	0.0046	0.0040	1.1605	0.8617		
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0046	0.0190	0.2441	4.0959		
15	Herz	0.0142	0.0137	1.0337	0.9674		
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737		
	Lunge	0.0078	0.0092	0.8419	1.1877		
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef		
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0074	0.4639	2.1557		
20	Niere	0.0067	0.0096	0.6964	1.4360		
	Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000		
	Prostata	0.0123	0.0039	3.1353	0.3190		
	T_Lymphom	0.0101	0.0224	0.4508	2.2182		
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375		
25	Weisse Blutkoerperchen	0.0062	0.0000	undef	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0134					
	Penis	0.0134					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0118					
30							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
35	Gastrointestinal	0.0139					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0157					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0107					
	Lunge	0.0181					
	Nebenniere	0.0254					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0121					
45	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
50	Brust	0.0000					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
55	Eierstock_t	0.0152					
	Endokrines Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0087					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
60	Haut-Muskel	0.0065					
	Hoden_n	0.0376					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0293					
	Lunge_t	0.0000					
65	Nerven	0.0100					
	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0338					
	Prostata_n	0.0061					
	Sinnesorgane	0.0000					
70	Weisse Blutkoerperchen	0.0000					

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 233

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0117	0.6638	1.5065
	Brust	0.0088	0.0155	0.5693	1.7566
	Dickdarm	0.0211	0.0028	7.4006	0.1351
	Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0119	0.0024	4.9773	0.2009
	Endokrines Gewebe	0.0032	0.0142	0.2263	4.4181
	Gehirn	0.0035	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0279	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0071	0.0137	0.5169	1.9347
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0292	0.0148	1.9733	0.5068
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0269	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0165	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0141	0.0052	2.7132	0.3686
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0058
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0293
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0020
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0068
	Prostata_n	0.0243
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000



Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 234

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0094	0.0000	undef
	Brust	0.0035	0.0056	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0018	2.7161	0.3682
	Gehirn	0.0035	0.0010	3.4816	0.2872
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0049	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0126	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0074	0.0046	1.6064	0.6225
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0304	0.1803	5.5448
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0061
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden_n	0.0042
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0090
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0113
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 235

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0014	0.0000	undef
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0107	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0059	0.0048	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0053	0.3018	3.3136
	Gehirn	0.0006	0.0030	0.1934	5.1701
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0046	0.0000	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 236

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0194	0.0084	2.2961	0.4355
	Dickdarm	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0024	2.4887	0.4018
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0053	2.4143	0.4142
	Gehirn	0.0041	0.0070	0.5803	1.7234
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0058	0.0092	0.6315	1.5836
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0104	0.0039	2.6529	0.3769
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0118	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0134			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0242			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0204			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0060			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 237

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0176	0.0070	2.5048	0.3992
	Dickdarm	0.0077	0.0057	1.3456	0.7432
	Duennndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4109
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0035	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0069	0.0010	6.9631	0.1436
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0061	0.0137	0.4430	2.2572
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0029	0.0037	0.7893	1.2669
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0037	0.0000	undef
20	Niere	0.0134	0.0048	2.7855	0.3590
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0085	0.0026	3.2558	0.3071
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0074	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0070			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0203			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 238

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0009	0.0014	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0019	0.0028	0.6728	1.4864
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0148	0.0024	6.2217	0.1607
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0018	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0017	0.0060	0.2901	3.4467
	Haut	0.0037	0.0789	0.0466	21.4787
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0120	0.0118	1.0178	0.9825
	Lunge	0.0029	0.0018	1.5786	0.6335
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0113	0.0026	4.3411	0.2304
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0092	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			

30

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0157
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden_n	0.0042
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0060
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0068
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 239

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0094	1.6595	0.6026
	Brust	0.0141	0.0225	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0172	0.0085	2.0184	0.4955
	Duenn darm	0.0192	0.0213	0.9018	1.1089
10	Eierstock	0.0237	0.0262	0.9050	1.1050
	Endokrines_Gewebe	0.0144	0.0160	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0197	0.0269	0.7307	1.3686
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0279	0.0190	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0203	0.0275	0.7384	1.3543
	Hoden	0.0040	0.0059	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0175	0.0166	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0037	2.7833	0.3593
20	Niere	0.0112	0.0289	0.3869	2.5849
	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0941	0.4775
	Prostata	0.0141	0.0039	3.6176	0.2764
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0148	0.0184	0.8032	1.2450
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0168			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0261			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0243			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 240

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0035	0.0014	2.5048	0.3992
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0041	0.0020	2.0309	0.4924
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0137	0.0738	13.5431
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0037	0.9278	1.0778
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0057	0.0039	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0126	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

30

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0058
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0098
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0040
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0180
	Prostata_n	0.0485
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 241

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0070	0.0098	0.7157	1.3973
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0320	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0024	1.2443	0.8036
	Endokrines Gewebe	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0012	0.0199	0.0580	17.2337
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0085	0.0052	1.6279	0.6143
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0103	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

30

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit

50	Brust	0.0136
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0040
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0180
	Prostata_n	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000



## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 242

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0018	0.0028	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0057	0.0028	2.0184	0.4955
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0048	0.0035	1.3580	0.7364
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0057	0.0026	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0030	0.0046	0.6426	1.5563
25	Weisse Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0030
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0045
	Prostata_n	0.0121
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 243

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0014	1.8786	0.5323
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0071	0.4527	2.2091
	Gehirn	0.0012	0.0090	0.1289	7.7552
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0029	0.0018	1.5786	0.6335
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0047	0.0013	3.6176	0.2764
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0092	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

30

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

50 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN  
%Haeufigkeit

	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden_n	0.0084
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0020
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0180
	Prostata_n	0.0121
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 244

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0117	0.0117	0.9957	1.0043
	Brust	0.0097	0.0070	1.3777	0.7259
	Dickdarm	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0165	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0080	0.0071	1.1317	0.8836
	Gehirn	0.0075	0.0080	0.9429	1.0605
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0071	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0120	0.0059	2.0357	0.4912
	Lunge	0.0049	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0171	0.0111	1.5463	0.6467
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0050	0.0166	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0198	0.0078	2.5323	0.3949
	T_Lymphom	0.0051	0.0149	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0163	0.0046	3.5341	0.2830
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0081			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 245

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0117	0.0117	0.9957	1.0043
	Brust	0.0132	0.0084	1.5655	0.6388
	Dickdarm	0.0134	0.0028	4.7095	0.2123
	Duennndarm	0.0027	0.0107	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4109
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0106	0.3018	3.3136
	Gehirn	0.0156	0.0070	2.2381	0.4468
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0117	0.0037	3.1573	0.3167
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0048	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0207	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0089	0.0138	0.6426	1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0607	0.0902	11.0896
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0098
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden_n	0.0084
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0098
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0080
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0135
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0387
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 246

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0141	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0042	0.0000	undef
	Dickdarm	0.0115	0.0028	4.0367	0.2477
	Duenndarm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0048	0.0053	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0064	0.0030	2.1276	0.4700
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0059	2.7142	0.3684
	Lunge	0.0058	0.0074	0.7893	1.2669
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0057	0.0026	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0050			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 247

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0136	0.1840	5.4361
	Blase	0.0039	0.0023	1.6595	0.6026
	Brust	0.0106	0.0056	1.8786	0.5323
	Dickdarm	0.0096	0.0142	0.6728	1.4864
	Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222	1.6073
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0231	0.0696	14.3590
	Gehirn	0.0139	0.0040	3.4816	0.2872
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0093	0.0127	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0081	0.0275	0.2954	3.3858
	Hoden	0.0000	0.0118	0.0000	undef
	Lunge	0.0078	0.0092	0.8419	1.1877
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0128	0.5668	1.7644
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0112	0.0145	0.7737	1.2924
	Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0113	0.0065	1.7364	0.5759
	T_Lymphom	0.0152	0.0224	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0059	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096	0.0607	0.1578	6.3369
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

30

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0371
	Placenta	0.0061
45	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0156
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden_n	0.0042
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0195
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0181
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0180
	Prostata_n	0.0121
	Sinnesorgane	0.0232
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

## 2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz *S* eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu *S* homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu *S* gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

### Beispiel 3

#### Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz *S* vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu *S* homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research **23** 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz *C* aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz *C* wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz *S*. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für *S* abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, *C* in gleicher Weise wie *S* zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_j$  ( $j$ : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_j > C_{j-1}$ ; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Prostatatumor-Gewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

#### Beispiel 4

##### Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert ([http://www.stanford.edu/RH/rhserver\\_form2.html](http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html)). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" - Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).



**Beispiel 5****Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

- 5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone  
(<http://www.tree.caltech.edu/>; Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak,  
Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit der  
Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek  
bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in  
10 ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer spezifischen  
PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA verschiedener BAC-  
Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die Klone zu bestimmen, die  
die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der Klone kann die Adresse der  
Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse zusammen mit dem Namen  
15 der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone  
eindeutig fest.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen  
BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.

Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs		
3	320-L-23		
4	461-O-11		
8	283-P-15	322-B-7	317-H-19
24	272-N-9	340-L-19	554-D-3
31	293-K-21	337-I-17	363-J-15
46	410-A-9		
47	268-B-2	532-B-10	

Tabelle1

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
2	im normalen Prostatagewebe erhöht	ZYXIN 2	LIM	7q33-7q35	D7S661	202	1437	
3	in gesundem Prostata- und Brustgewebe erhöht	Unbekannt		17p13.3	D17S2199- D17S1548	207	707	
4	im normalen Prostatagewebe erhöht	PCCMT		1p36.31	D1S2145- D1S2132	215	1265	
6	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt	UBIQUITIN_CON- JUGAT_2	1q21.2	D1S3384- D1S305	225	1330	
7	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		11q11-q13.1	D11S4205- D11S4535	231	762	
8	im normalen Prostatagewebe erhöht	Humanes Homolog des TEGT- Proteins aus der Ratte		10q23.1	D10S551- D10S532	246	1228	
9	im normalen Blasen- und Prostatagewebe erhöht	SRP20	rrm	6p21.2	NIB1566-WI- 4186	243	914	
10	4x stärker als im normalen Prostatagewebe	Muf1		1p33-p32.3	D1S1558- D1S232	315	1126	
12	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		7p21.3-7p14.1	D7S2363	219	538	
13	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		22q12.1 - 22q13.1	D22S1144	210	321	
14	ausschließlich in der normalen Prostata	E4BP4	B_ZIP	9q22.1-q22.2	D9S787	217	847	
16	stärker im normalen Brust- und Prostatagewebe als im entsprechenden Tumor	HUMANer PHOSPHOLEMMAN PRECURSOR		19q13.1		210	573	
17	verstärkt in der normalen Prostata, verglichen mit dem entsprechenden Tumorgewebe	Mögliches Humans Homolog zu SIR		12q13.13 - 12q14.1	D12S1700- D12S1601	244	486	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
18	ca. 6x stärker in der normalen Prostata, verglichen mit dem entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		10q23.32 - 10q24.31	D10S551-D10S532	215	662	
19	ca. 2x stärker im normalen Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		2q35	D2S433-D2S295	225	750	
21	ca. 3x stärker im normalen Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, ca. 7x häufiger in Brust- und Lungentumoren als in entsprechenden Normalgeweben	Homolog zu JANUS-A aus Drosophila melanogaster		9q34.13	D9S158-D9S2053	229	1001	
23	stärker im normalen Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		1p36.13-p32.3	SGC32968	184	580	
24	5x stärker im normalen Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, stark exprimiert in Hauttumoren	EIF-6		20q11.1-q11.22		237	740	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
26	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Homolog zu HUMANem SORCIN		1p36.11-p34.3	D1S233-D1S2548	219	975	
27	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		9p21.1-9q12	SHGC-7278-SHGC-33912	259	854	
28	ca. 3x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		11q12.1-11q13.5	SHGC-15247-NIB715	288	802	
29	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	IL-6SAG		20p11.23-p11.21	D20S807-SHGC-11944	224	807	
30	ca. 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		Xp11.23-p11.21	WI-5587-WI-5717	276	777	
31	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt				238	501	
32	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, 10x erhöht in Muskel- und Skelettumoren	Unbekannt		3p21.1-3p22.2	WI-9590-WI-3521	284	1104	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
33	in normalem Prostatagewebe erhöht	Humanes Homolog des WW-domain binding protein 1 aus der Maus		2p13.1	D2S145-SHGC-37085	208	810	
35	in normalem Prostatagewebe und in gastrointestinalen Tumoren erhöht	Unbekannt		3p23-p21.1	SHGC-32684-D3S4150	223	826	
36	in normalem Prostatagewebe erhöht	Id1	HLH	20p11.22 - 20q11.21	WI-1163	254	578	
37	in normalem Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		8p12	SHGC-5722-SHGC-5765	293	799	
39	in Prostatatumoren erhöht	C1 inhibitor	serpin	11p13-11q13.1	SHGC-30227-D11S1983	262	1743	
41	stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Acyl-protein thioesterase		6p21.31-q21.2	D6S1868-D6S1867	267	1183	
42	stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		16q12.1-22.1	SHGC-6119-SHGC-15371	270	768	
43	ca. 6x stärker in normalem Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		17q11.2-q21.31	SHGC-30259-SHGC-13493	279	1029	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
44	ca. 3x stärker in normalem Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, ca. 8x häufiger im Gehirntumor als im vergleichbaren Normalgewebe	Unbekannt		16q23.1-q24.2	SHGC-32665-SHGC-11833	237	736	
46	in normalem Prostata-gewebe erhöht	Unbekannt		19p13.3	IB1264-WI-6480	259	1159	
47	in normalem prostatäischem, hepatischem und ovarial Gewebe erhöht	Unbekannt		6q13-q21		159	690	
51	in normalem Prostata-gewebe und in haematopoetischen Tumoren erhöht	Unbekannt		1p36.11	D1S3131-D1S2674	250	1186	
52	in normalem Prostata-gewebe und in Gehirntumoren erhöht	SPARC	kazal	5q21.1-q33.2	WI-7565-WI-6351	261	1029	
53	in normalem Prostata-gewebe erhöht	Unbekannt		15q23-24.1	D15S1241-D15S197	261	985	
54	in normalem Prostata-gewebe und in Skelettumoren erhöht	Unbekannt		4p14	D4S405-SHGC-9448	246	622	
55	in normalem Prostata-gewebe und hepatischem Tumoren erhöht	B4-2		6q16.2	D6S1644-D6S2057	239	1129	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
58	ca. 3x stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		1q12	SHGC-32015-D1S442	160	877	
59	ca. 5x stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Methyl-CpG bindendes Protein MBD2		18q21.32-18q21.32		288	1329	
60	stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		11q21-11q23.2		310	697	
61	in normalem Prostatagewebe und in endokrinen Tumoren erhöht	Unbekannt		17p11.2	AFMA126YD5	378	1389	
62	in normalem Prostata- und Brustgewebe erhöht	Unbekannt		4q21.21 - 4q21.23	WI-7565-WI-9200	260	535	
63	in normalem Prostata-, Blasen- und Brusttumoren erhöht	Unbekannt		16p12.3 - 16p13.11	AFMB354YF9	216	1098	
64	1.8088 x im gutartigen Prostatagewebe exprimiert	Homolog zu RanBP7		11p15.3-p15.5	D11S909-D11S4149	302	1860	
217	2.894 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata-tumor exprimiert	Unbekannt	UBIQUITIN_CON JUGAT	1q21.2	D1S3384-D1S305		1880	6

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
218	2.1705 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostataumor exprimiert	Unbekannt		11q11-q13.1	D11S4205- D11S4535		1024	7
219	2.7494 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostataumor exprimiert	Humanes Homolog des TEGT aus der Ratte		10q23.1	D10S551- D10S532		2383	8
220	2.46 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostataumor exprimiert	TXBP151	COILS	7p21.3-7p14.1	D7S2363		3210	12
221	1.7364 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostataumor exprimiert	Mögliches Humans Homolog zu S1R		12q13.13 - 12q14.1	D12S1700- D12S1601		1030	17
222	2.8941 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostataumor exprimiert	Unbekannt		10q23.32 - 10q24.31	D10S551- D10S532		1216	18
223	0.8348 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostataumor exprimiert	Homolog zu HYA22		2q35	D2S433- D2S295		2369	19
224	1.0129 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostataumor exprimiert	Unbekannt		1p36.13-p32.3	SGC32968		849	23



Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
225	8.6822 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Homolog zu HUMANem SORCIN	EF_HAND_2	1p36.11-p34.3	D1S233-D1S2548		1502	26
226	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostata tumor gefunden	Unbekannt		9p21.1-9q12	SHGC-7278-SHGC-33912		1892	27
227	2.4117 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	IL-6SAG		20p11.23-p11.21	D20S807-SHGC-11944		1522	29
228	2.1706 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Unbekannt		Xp11.23-p11.21	WI-5587-WI-5717		2016	30
229	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostata tumor gefunden	Unbekannt					765	31
230	1.447 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Unbekannt		3p21.1 - 3p22.2	WI-9590-WI-3521		1611	32
231	2.6529 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Humanes Homolog des WW-domain binding protein 1 aus der Maus		2p13.1	D2S145-SHGC-37085		1473	33
232	3.1353 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Homolog zu der OLIGOSACCHARYL TRANSFERASE STT3 Untereinheit aus C. elegans		3p23-p21.1	SHGC-32684-D3S4150		2503	35

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
233	2.7132 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Unbekannt		8p12	SHGC-5722-SHGC-5765		1756	37
234	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostata tumor gefunden	Acyl-protein thioesterase		6p21.31-q21.2	D6S1868-D6S1867		1286	41
235	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostata tumor gefunden	Unbekannt		16q12.1-22.1	SHGC-6119-SHGC-15371		1230	42
236	2.6529 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Stat5b		17q11.2-q21.31	SHGC-30259-SHGC-13493		2328	43
237	3.2558 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Unbekannt		16q23.1-q24.2	SHGC-32665-SHGC-11833		1767	44
238	4.3411 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Unbekannt		19p13.3	IB1264-WI-6480		2311	46
239	3.1353 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	SDP3	PX	6q13-q21			1772	47
240	1.447 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Unbekannt		1p36.11	D1S3131-D1S2674		2409	51

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
241	1.6279 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		15q23-24.1	D15S1241-D15S197		2594	53
242	2.1706 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		4p14	D4S405-SHGC-9448		1012	54
243	3.6176 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		1q12	SHGC-32015-D1S442		1206	58
244	2.5323 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		17p11.2	AFMA126YD5		2514	61
245	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostatatumor gefunden	LIMP II	CD36	4q21.21 - 4q21.23	WI-7565-WI-9200		3903	62
246	2.1706 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		16p12.3 - 16p13.11	AFMB354YF9		1730	63
247	1.7364 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Homolog zu RanBP7		11p15.3-p15.5	D11S909-D11S4149		3439	64

Tabelle 2

<u>DNA-Sequenz</u> <u>ID No.</u>	<u>ORF Sequenz ID No</u>						
2	66						
3	67	68	69	70			
4	71						
6	73						
7	74						
8	75						
9	82						
10	83						
12	90						
14	91						
16	92						
17	93						
18	97	98	99	100	101		
19	102	103	104	105			
21	109						
23	111	112	113				
24	114						
26	116						
27	117	118	119				
28	120	121	122	123	124		
29	128						
30	129	130	131				
31	132						
32	133						
33	134	135	136	137			
35	139	140	141	142	143	144	145
36	147	148	149				146
39	152						
41	154	155	156	157			
42	158	159	160	161			
43	162	163	164				
44	165						
46	168	169	170	171	172		
47	173						
51	183	184	185	186	187		
52	188	189	190	191	192	193	
54	194						
55	195						
58	201						
59	202	203	204	205	206		
60	207	208	209				
61	210						
62	214	215	216				
217	248						
218	249	250					
219	251						
220	252						
221	253						

<u>DNA-Sequenz</u>	<u>ORF Sequenz</u>
<u>ID No.</u>	<u>ID No</u>
222	254 255
223	256
224	257
225	258
226	259 260
227	261 262
228	263
229	264 265
230	266
231	267 268
232	269
233	270 271
234	272 273
235	274 275
236	276 277
237	278 279
238	280 281
239	282
240	283 284
241	285 286
242	287 288
243	289 290
244	291 292
245	293
246	294
247	295

---

5 Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und Seq. ID No 217-247 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

**Sequenzprotokoll**

## 5 (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

## (i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

10 (C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

(F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1672

15 (H) TELEFAX: (030)-8413 1671

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus  
Prostatagewebe

20

(iii) Anzahl der Sequenzen: 216

## (iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

25 (B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1437 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

```
CTCCTTGGAAGTCCCCCTTCCAGCTCCCAGCCTCTGCCCCAGGTTCCGGCTCCGGGCTCAGA60
GCCAGACACAGTTCCATGTTGAGCCCCAGCAGCCCCCAAAGCTCAGGTCAGCTCCATG120
TCCAGTCCCAAGACCCAGCCTGTGTCTTTGGCTAACACCCAAGCCCGAGGGCCCCCAGCCT180
10CATCTCCGGCTCCAGCCCCCTAAGTTTCTCAGTGAAGTCCTAAGTTTACTCCTGTGGCTT240
CCAAGTTCAGTCCAGGAGCCAGAGGTGGATCTGGGTCACACCAAATCAAATTTGGGGC300
ACCCCGAAGCTCTTTCTGCTGGCAGAGGCTCCCTCAACCTCCAGCTTCACCTATGCCC360
AGCAGAGGGAAGAGCCCCGAGTGAGGAGAGCAGCACCCCGTGCCCCCAAGGCTCAGA420
ACCAAACCAAGTGCGCTCCCTGGGGCCCAGGGCCCCCTGACTCTGAAGGAGGTGGAGG480
15AGCTGGAGCAGTGACCCAGCAGCTAATGCAGGACATGGAACATCCTCAGAGGAGAATG540
TGGCTGTCAACGAAGTCTGCGCCGATGCCATCAACCCCTGGCCCGGGCGCAGCAGCCGT600
CCGCGCTCTAGGGCAGCTGTCCACATCGCTGCTTCACTGCCACCAAGTGCGCAGAG660
CTCCAGGGCCAGCAGTTCTACAGTCTGGAGGGGGCGCCGTACTGCGAGGGCTGTTACACT720
GACACCCTGAGAAAGTGTAACACCTGCGGGGAGGCCATCATGACCGCATGCTGAGGGCC780
20ACGGGCAAGCCTATCACCCGCACTGCTTACCTGTGTGGTCTGCGCCCGCCCCCTGGAG840
GGCACCTCCTTCATCGTGGAAGAGGCAACCGCCCCACTGTGTCCCGCATACCACAAG900
CAGTACGCCCAGAGGTGCTCGTCTGCTCTGAGCCCATCATGCTGAGCTGGCCGAGAT960
GAGACTGTGCGAGTGGTCCGCTGGACAAGAACTTCCATGAAGTGTTACAAGTGTGAG1020
GACTGCGGGAAGCCCCGTGCGATTGAGGCAATGACAAATGCTGCTTCCCCTGGACGGT1080
25CACGTGCTCTGTCGGAAGTGCCACTGCTAGAGCCAGACCTGAGTGAGGACAGGCCCT1140
CTTCAGACCGCAGTCCATGCGCATTTGTGGACCAACCTGAGACCACCTGCCCCCAC1200
CTCAGTTATTGTTTGTATGTCTAGCCCCCTCCATTTCACACCCCTCCCTAGCATCCAGG1260
TGCCCTGACCAGGACCCCAATGGTCTAGGATGCAGGATCCCCGCCCTGGGTCTGGT1320
CCTCGCCCATCTGCAGGGAATGCCACCGTCTTCCAGACACCCACCTGAGGGGGGCAC1380
30AAGGTTTAGTGCTGCTGCTTCACTGCTGCACCCGCGCCCCTCGCCGGCCCCCCGAG1437
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 707 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

50

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

	TGCGGCCCGG	GCCTTAAAGC	GTCCATTTCC	CAGCGGCCCT	CCGCTGCGAG	ACCGCAGCCC	60
5	TTCTCTGGAG	TCTCAGAGCC	GCAAGACACC	ACGACTCCCA	GAGGACCTTG	CGTCGGGCAA	120
	GAAAGACTAC	ACCTTCCAGA	GGCCTCTGCG	GCGCCGCGAC	AGGAAGCGGC	GGGCGAGCCG	180
	AGTGTCTTGG	CGCGTGGATC	CGAGCGACCA	TGGTGGCCCG	GGTGTGGTCG	CTGATGAGGT	240
	TCCTCATCAA	GGGAAGTGTG	GCTGGGGGCG	CCGTCTACCT	GGTGTACGAC	CAGGAGCTGC	300
	TGGGGCCCAG	CGACAAGAGC	CAGGCAGCCC	TACAGAAGGC	TGGGGAGGTG	GTCCCCCCCCG	360
10	CCATGTACCA	GTTTCAGCCAG	TACGTGTGTC	AGCAGACAGG	CCTGCAGATA	CCCCAGCTCC	420
	CAGCCCCTCC	AAAGATTTAC	TTTCCCATCC	GTGACTCCTG	GAATGCAGGC	ATCATGACGG	480
	TGATGTCAGC	TCTGTCGGTG	GCCCCCTCCA	AGGCCCGCGA	GTACTCCAAG	GAGGGCTGGG	540
	AGTATGTGAA	GGCGCGCACC	AAGTAGCGAG	TCAGCAGGGC	CGCCTGCCCC	GGCCAGAACG	600
	GGCAGGGCTG	CCACTGACCT	GAAGACTCCG	GACTGGGACC	CCACTCCGAG	GGCAGGCCCTC	660
15	CCGATTGCCG	GCCCAATAAA	GGACTTCAGA	AGTGAAAAAA	AAAAAAA		707

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1265 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

35

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

	CACTGGGATG	GGCATACT	ACTCACAGGG	TGTGTGAGAT	GAGAAGAACA	CGTCAANGTT	60
	TTTATACTCA	GATGTGGGAG	CGACATCAAT	GAAATCTGTA	CTGTATGAAA	GCTACACAAA	120
	AATGGGCAGA	CATTTGGTTA	ATTGTGCCAG	ATACCTAAAA	TGTATGTTCA	GAAAAGCATT	180
45	TTATCAACTC	AGAAATATGA	CTTATTTCTA	GATTTTCATG	CTTAATGAAT	TTTTTCATTG	240
	TTATATATAC	CAAAGAGGCT	TACGGGTTCA	TTGATTGGTT	TGAAAACCAG	ACAGACGGCC	300
	GTGAGCCACC	ACGCCAGCC	AAGATGAACT	CCTTAAGGAC	AGGATTTGGT	AAGTGATTGA	360
	CTTCTTTTTA	GTTCCATGAT	CTTGAGATTA	TTTTTAGCTT	TATAAATTTA	GCAGTGGCAG	420
	GGCCCGTGGA	GAATCAGGTT	AATGAGGTAA	AGGCTTTCTG	GGTATTTGCT	GCCAAGGCCA	480
50	CATCACCAAT	TTTCTCGATT	TAAAAAATG	TCAAGAGATT	TATTTTTCCT	TTGCAGGTTT	540
	TAAAGTGGAG	ATTCTGAAGT	GGAAAATAG	TACTGTGAGA	ACAAAGCTAC	CTGGAAACAG	600
	CATAGAGTGA	AGCCTTTCGT	GAGGGCTTGC	AGGCCGCTGC	TGAGTGGCAG	TTTACAGAAG	660
	AGGTCGCGGG	GTGAGCCTCT	TAGCAGGACA	GAAAACAAGG	CAGCAGCGCA	CCTGCCACCC	720



CTTACAGAGC TGCTCCTTGA GCCTAAAAAG TAGGCTTTAT TCATCCCTTC TGTTCAATTA 780  
 CCAACCTGGG GGATTGATAC GACCGGGGAA AATGTTCTTA AACCAGGAAG CTGCGTTAGC 840  
 GAATCAGCTT TGGTAAGATC TCGCCAACAG CTAGCTGCTT AGGAGTACCC CCACGATACG 900  
 CACAGCACAC CACTGTCCCT TCACTGCACT TTCTTCCTGC CTTAGGTAGT TGGGCTTGCC 960  
 5 ACCCTAGTTT GCTTTTGTAG TGGTTTGGCA AGGTTAGAAG GCCTCGGCCC CCTCTGTCAT1020  
 GCTGGGAAGT GCCTACTCTC TGGGCCACTG CTGCAGAGGC CGTGGCACTT GTCATGGGTT1080  
 TGGAAAGACC AGCCATCTGC AGCAGAGGCA GCCTATCCCA TTGCAAGGAG AGGAAC TGAA1140  
 CGGAGTAATT ATTCTACTCT TCTTTTACAA TAAATGGTTT AATTTAAATA ATTTCAAATT1200  
 TGGAAATTTCC TTTCACAGAT ACTGATAATC CTTTCCAGTT CTTAAATAAA AACTGCACTT1260  
 10 GGATT 1265

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1330 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

30

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

CTTGGAGAGG CTGGTGGACA TAAAGAAAGG GAATACTCTG CTATTGCAGC ATCTGAAGAG 60  
 GATCATCTCC GACCTGTGTA AACTCTATAA CCTCCCTCAG CATCCAGATG TGGAGATGCT 120  
 GGATCAACCC TTGCCAGCAG AGCAGTGCAC ACAGGAAGAC GTGTCTTCAG AAGATGAAGA 180  
 40 TGAGGAGATG CCTGAGGACA CAGAAGACTT AGATCACTAT GAAATGAAAG AGGAAGAGCC 240  
 AGCTGAGGGC AAGAAATCTG AAGATGATGG CATTGGAAAA GAAAACTTGG CCATCCTAGA 300  
 GAAAATTAAG AAGAACCAGA GGCAAGATTA CTTAAATGGT GCAGTGTCTG GCTCGGTGCA 360  
 GGCCACTGAC CGGCTGATGA AGGAGCTCAG GGATATATAC CGATCACAGA GTTTCAAAGG 420  
 CGGAAACTAT GCAGTCGAAC TCGTGAATGA CAGTCTGTAT GATTGGAATG TCAAACCTCT 480  
 45 CAAAGTTGAC CAGGACAGCG CTTTGCACAA CGATCTCCAG ATCCTCAAAG AGAAAGAAGG 540  
 AGCCGACTTC ATTCTACTTA ACTTTTCCTT TAAAGATAAC TTTCCCTTTG ACCCACCATT 600  
 TGTCAGGGTT GTGTCTCCAG TCCTCTCTGG AGGGTATGTT CTGGGCGGAG GGGCCATCTG 660  
 CATGGAACCT CTCACCAAAC AGGGCTGGAG CAGTGCCTAC TCCATAGAGT CAGTGATCAT 720  
 GCAGATCAGT GCCACACTGG TGAAGGGGAA AGCACGAGTG CAGTTTGGAG CCAACAAATC 780  
 50 TCAATACAGT CTGACAAGAG CACAGCAGTC CTACAAGTCC TTGGTGCAGA TCCACGAAAA 840  
 AAACGGCTGG TACACACCCC CAAAAGAAGA CGGCTAACCC TGGAGTATCA CCCTTCCTCC 900  
 CTCCCCAGGC ACCACTGGAC CAATTACCTT TGAATGCTGT ATTTGGATCT CACGCTGCCT 960  
 CTGTGGTTCC CTCCCTCATT TTTCTGGAC GTGATAGCTC TGCCTATTGC AGGACAATGA1020

TGGCTATTCT AAACGCTAAG GAAAAAAAC AAACACAGAA CTGTTTCAAG TACTCAAGAC1080  
 TGACTTACAG ACCAACCAAC CACCTTGCTG GAACCCCTGC TAGCAGGCAT TCTTATAAAA1140  
 GAAACTTTTCG AGCCTCCTTA TATTGCTGGA AACTCAGCTG TGCTCCAGAC TAGAGCCTCC1200  
 TTACCTATGC TATGGATTTT TAATTTATTT TCTCTTATTT CATGTACACT GCTTTTTTTG1260  
 5 GTTACAGTGT ATGATGGATG TGTATGAAA AAATGTATCT TTGGGAAAAC AATTACAGTT1320  
 TGTTAATTTG 1330

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:762 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

GCGGTCGGTA GTGCGGCGCT GTTTAAAGAT GCGGCGGGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA 60  
 GGAGCCGCTG GGCAGCGACT CCGAAGGTGT TAACTGTCTG GCCTATGATG AAGCCATCAT 120  
 35 GGCTCAGCAG GACCGAATTC AGCAAGAGAT TGCTGTGCAG AACCTCTGG TGTCAGAGCG 180  
 GCTGGAGCTC TCGGTCCTAT ACAAGGAGTA TGCTGAAGAT GACAACATCT ATCAACAGAA 240  
 GATCAAGGAC CTCCACAAAA AGTACTCGTA CATCCGCAAG ACCAGGCCTG ACGGCAACTG 300  
 TTTCTATCGG GCTTTCGGAT TCTCCCACTT GGAGGCACTG CTGGATGACA GCAAGGAGTT 360  
 GCAGCGGTTT AAGGCTGTGT CTGCCAAGAG CAAGGAAGAC CTGGTGTCCC AGGGCTTCAC 420  
 40 TGAATTCACA ATTGAGGATT TCCACAACAC GTTCATGGAC CTGATTGAGC AGGTGGAGAA 480  
 GCAGACCTCT GTCGCCGACC TGCTGGCCTC CTTCAATGAC CAGAGCACCT CCGACTACCT 540  
 TGTGGTCTAC CTGCGGCTGC TCACCTCGGG CTACCTGCAG CGCGAGAGCA AGTTCTTCGA 600  
 GCACTTCATC GAGGGTGGAC GGACTGTCAA GGAGTTCTGC CAGCAGGAGG TGGAGCCCAT 660  
 GTGCAAGGAG AGCGACCACA TCCACATCAT TGCGCTGGCC CAGGCCCTCA GCGTGTCCAT 720  
 45 CCAGGTGGAG TACATGGACC GCGGCGAGGG CGGCACCACC AA 762

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1228 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

```
20  GAAAAGTTTC TGAACATGGG TGCACCCCTG GGAGTGGGCC TGGGTCTCGT CTTTGTGTCC 60
    TCCATTGGGA TCTATGTTTC TTCCACCTAC CCACCCGTGG CTGGGGCCAC TCTTTACTCA 120
    GTGGCAATGT ACGGTGGATT AGTTCTTTTC AGCATGTTCC TTCTGTATGA TACCCAGAAA 180
    GTAATCAAGC GTGCAGAAAT ATCACCAATG TATGGAGTTC AAAAATATGA TCCCATTAAC 240
    TCGATGCTGA GTATCTACAT GGATACATTA AATATATTTA TGCGAGTTGC AACTATGCTG 300
25  GCAACTGGAG GCAACAGAAA GAAATGAAGT GACTCAGCTT CTGGCTTCTC TGCTACATCA 360
    AATATCTTGT TTAATGGGGC AGATATGCAT TAAATAGTTT GTACAAGCAG CTTTCGTTGA 420
    AGTTTAGAAG ATAAGAAACA TGTCATCATA TTTAAATGTT CCGGTAATGT GATGCCTCAG 480
    GTCTGCCTTT TTTTCTGGAG AATAAATGCA GTAATCCTCT CCCAAATAAG CACACACATT 540
    TTCAATTCTC ATGTTTGAGT GATTTTAAAA TGTTTGGTG AATGTGAAA CTAAAGTTTG 600
30  TGTCATGAGA ATGTAAGTCT TTTTCTACT TTAAAATTTA GTAGGTTTAC TGAGTAACTA 660
    AAATTTAGCA AACCTGTGTT TGCATATTTT TTTGGAGTGC AGAATATTGT AATTAATGTC 720
    ATAAGTGATT TGGAGCTTTG GTAAAGGGAC CAGAGAGAAG GAGTCACCTG CAGTCTTTTG 780
    TTTTTTTAAA TACTTAGAAC TTAGCACTTG TGTTATTGAT TAGTGAGGAG CCAGTAAGAA 840
    ACATCTGGGT ATTTGGAAAC AAGTGGTCAT TGTTACATTC ATCTGCTGAA CTTAACAAAA 900
35  CTGTTTCATCC TGAAACAGGC ACAGGTGATG CATTCTCCTG CTGTTGCTTC TCAGTGCTCT 960
    CTTTCCAATA TAGATGTGGT CATGTTTGAC TTGTACAGAA TGTTAATCAT ACAGAGAATC1020
    CTTGATGGAA TTATATATGT GTGTTTACT TTTGAATGTT ACAAAGGAA ATAACTTTAA1080
    AACTATTCTC AAGAGAAAAT ATTCAAAGCA TGAAATATGT TGCTTTTCC AGAATACAAA1140
    CAGTATACTC ATGAAAAAAA AATGTTTTTT TATTTTTCGA TATTATTGA ACTGTCTAAT1200
40  TGAATACAGC TTGCTCTTGT CACCTCAA 1228
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 914 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

15	GGCGGTGGTC	CGCCATTTTCG	TGGACGCCGG	GTGAGTGAGA	GAGTTGGTTG	GTGTTGGGCC	60
	GGAGGAAAGC	GGGAAGACTC	ATCGGAGCGT	GTGGATTTGA	GCCGCCGCAT	TTTTTAACCC	120
	TAGATCTCGA	AATGCATCGT	GATTCCTGTC	CATTGGACTG	TAAGGTTTAT	GTAGGCAATC	180
	TTGGAAACAA	TGGCAACAAG	ACGGAATTGG	AACGGGCTTT	TGGCTACTAT	GGACCACTCC	240
	GAAGTGTGTG	GGTTGCTAGA	AACCCACCCG	GCTTTGCTTT	TGTTGAATTT	GAAGATCCCC	300
20	GAGATGCAGC	TGATGCAGTC	CGAGAGCTAG	ATGGAAGAAC	ACTATGTGGC	TGCCGTGTAA	360
	GAGTGGAACT	GTCGAATGGT	GAAAAAGAA	GTAGAAATCG	TGGCCACCT	CCCTCTGGG	420
	GTCGTCGCCC	TCGAGATGAT	TATCGTAGGA	GGAGTCCTCC	ACCTCGTCGC	AGATCTCCAA	480
	GAAGGAGAAG	CTTCTCTCGC	AGCCGGAGCA	GGTCCCTTTC	TAGAGATAGG	AGAAGAGAGA	540
	GATCGCTGTC	TCGGGAGAGA	AATCACAAGC	CGTCCCGATC	CTTCTCTAGG	TCTCGTAGTC	600
25	GATCTAGGTC	AAATGAAAGG	AAATAGAAGA	CAGTTTGCAA	GAGAAGTGGT	GTACAGGAAA	660
	TTACTTCATT	TGACAGGAGT	ATGTACAGAA	AATTCAAGTT	TTGTTTGAGA	CTTCATAAGC	720
	TTGGTGCAAT	TTTAAGATGT	TTTAGCTGTT	CAAATCTGTT	TGTCTCTTGA	AACAGTGACA	780
	CAAAGGTGTA	ATTCTCTATG	GTTTGAAATG	GATCATACGA	GGCATGTAAT	ACCAAGAATT	840
	GTTACTTTAC	AATGTTCCCT	TAAGCCAAAA	TTGAATTTGC	TTTGAACTTT	TAGTTATGCA	900
30	CAGACTGATA	ATAA					914

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1126 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

5  
GAGGCAGCCC TGACACTATG CCACCTGCTG AGCTCCTGGG TGTCACTAGA GAGCCTCACA 60  
CTCTCCTACA ATGGCCTGGG CTCTAACATC TTCCGCCTGC TAGACAGCCT GCGGGCCCTG 120  
TCAGGCCAGG CTGGATGTCG CCTCCGTGCC CTGCATCTCA GTGACCTGTT CTCACCACTG 180  
CCCATCCTGG AGCTGACACG TGCTATCGTG CGAGCACTGC CCCTGCTACG GGTCTCTCT 240  
10 ATTCGTGTTG ACCACCCAAG CCAGCGGGAC AACCTTGGTG TGCCAGGGAA TGCAGGGCCC 300  
CCTAGCCACA TAATAGGCGA TGAGGAGATA CCAGAAAACCT GCCTGGAGCA GTTGGAGATG 360  
GGNATTTCCA CGGGGAGCCC AGCCAGCCCC ACTGCTGTGC TCCGTTCTGA AGGCCTCGGG 420  
TTCTCTGCAG CAGCTGTCCC TGGATAGTGC CACCTTTGCC TCTCCCAGG ATTTTGGGCT 480  
TGTTTTGCAA ACACTCAAAG AGTACAACCT AGCCCTGAAA AGACTGAGCT TCCATGACAT 540  
15 GAATCTCGCT GACTGTCAGA GCGAGGTGCT CTTTTTGCTA CAGAATCTGA CTCTGCAAGA 600  
GATTACCTTC TCCTTCTGCC GTCTGTTTGA GAAGCGCCCA GCCCAATTTT TGCCTGAGAT 660  
GGTTGCTGCT ATGAAGGGCA ACTCCACACT GAAGGGCCTC CGGCTGCCAG GGAACCGCCT 720  
GGGGAATGCT GGCCTGCTGG CCTTGGCAGA TGTTTTCTCA GAGGATTCAT CCTCCTCTCT 780  
CTGTCAGCTG GACATCAGTT CCAACTGCAT CAAGCCAGAT GGGCTTCTGG AGTTCGCCAA 840  
20 GCGGCTGGAG CGCTGGGGCC GTGGAGCCTT TGGTCACCTG CGCCTCTTCC AAAACTGGCT 900  
GGACCAGGAT GCAGTCACAG CCAGGGAAGC CATCCGGCGG CTCCGGGCTA CCTGCCATGT 960  
GGTTAGCGAC TCATGGGACT CATCCCAGGC CTTGCGAGAT TATGTTAGCA CCATGTGATG1020  
GGGCCCCTAC CTCACAGTCT CATGCTCGGT ACCATCAGCT TGCAGGGGCT GAAGCATGGG1080  
CTGCCAGAA CCCCAACCAC CAGTTCTATC TTTCTCTTTC TGTGAC 1126  
25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 538 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

50 TAGACCACTG AGGAGACCAT AGAGCGGATG CTTTCATGCA CCCTTTACTG CACTTTCTGA 60  
CCAGGAGCTA CTTTGAGTTT GGTGTTACTA GGATCAGGGT CAGTCTTTGG CTTATCAATA 120  
AATTTTAATC TCTGTTAATC TTACCTGCTT TAAAAAAAAG TTCTTGTGTG TTCGTATCTT 180

TATTTATTCC CTAGTTTGCA GAACTGTCTG AATAAAGGAT ACAAGGATTA TTTCAATGTT 240  
 ACTGCACTGA AAAACGTGTA TGTATTAGTG TGCTAGATTA TTTAGCAGAA TATTCACAAG 300  
 TTTCTGTTGA CCTTGTTGAT TGAGCATGAC TACTAAATAT TATGTAATAA AAAGCATTTG 360  
 TCATAACAGT CTTATGAAGT AGTTCTTCGA ATATAGAAAG TTCTATAATT TAGCCCATGA 420  
 5 AATGATAGGT TTTTAATTTT CAGAAATGGA GCTGCATGTA GAATGAGATC ACATGCTTTT 480  
 ATATGTGAAA TATTGGTTTT AGCAATTAAC AGAAGGCATA CTTTGCTAAT TTTATGGC 538

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 321 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

CCCTACAAC TGGTGC AAAC TCAGGCTTTC CCCAGTGACC AACAAATTTTA ATTCCAAGAG 60  
 GTGAGGATCT CAGGAGGTGG CATTCAACCA CCAGGGAGCT AGGGAAAGGG AACCAAGCTG 120  
 35 TCTCCACACC CAGGAGAGGT GTCCCTCCAG CCAAGGCAGG CAGGACACTC TGCAGCTCTC 180  
 CCTCCTGTGC CCAGGCCCTT GACTACACTC TCATCTGCCA TCTGAGCTAA GCCAGGAAGG 240  
 CAGTTAAAGA AAGGCCCCCA AACATGAAGC AGGGACAAGG AGACGGACAG GGGTCAGATG 300  
 ACCCATTGAT AGGGAAGAGA G 321

## 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 847 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

AGACAAATCT	TCTGCATGTC	GGAGGAACGG	GAATTATTCT	GATGAAAAGA	AAGATGCTAT	60
GTATTGGGAA	AAAAGGCGGA	AAAATAATGA	AGCTGCCAAA	AGATCTCGTG	AGAAGCGTCG	120
ACTGAATGAC	CTGGTTTATG	AGAACAACT	AATTGCACTG	GGAGAAGAAA	ACGCCACTTT	180
AAAAGCTGAG	CTGCTTTCAC	TAAAATTAAA	GTTTGGTTTA	ATTAGCTCCA	CAGCATATGC	240
TCAAGAGATT	CAGAACTCA	GTAATTCTAC	AGCTGTGTAC	TTTCAAGATT	ACCAGACTTC	300
CAAATCCAAT	GTGAGTTCAT	TTGTGGACGA	GCACGAACCC	TCGATGGTGT	CAAGTAGTTG	360
TATTTCTGTC	ATTAAACACT	CTCCACAAAG	CTCGCTGTCC	GATGTTTCAG	AAGTGTCCCTC	420
AGTAGAACAC	ACGCAGGAGA	GCTCTGTGCA	GGGAAGCTGC	AGAAGTCCTG	AAAACAAGTT	480
CCAGATTATC	AAGCAAGAGC	CGATGGAATT	AGAGAGCTAC	ACAAGGGAGC	CAAGAGATGA	540
CCGAGGCTCT	TACACAGCGT	CCATCTATCA	AAACTATATG	GGGAATTCTT	TCTCTGGGTA	600
CTCACACTCT	CCCCCACTAC	TGCAAGTCAA	CCGATCCTCC	AGCAACTCCC	CGAGAACGTC	660
GGAACTGAT	GATGGTGTGG	TAGGAAAGTC	ATCTGATGGA	GAAGACGAGC	AACAGGTCCC	720
CAAGGGCCCC	ATCCATTCTC	CAGTTGAACT	CAAGCATGTG	CATGCAACTG	TGGTTAAAGT	780
TCCAGAAGTG	AATTCCTCTG	CCTTGCCACA	CAAGCTCCGG	ATCAAAGCCA	AAGCCATGCA	840
GATCAAA						847

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 573 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

5 GGAGGCTGCT GGGGGCGGCG CGTCCAGCTC TGGGCCAGGG GGTCCAAAGT GCTCAGCCCC 60  
CGGGGCACAG CAGGACGTTT GGGGGCCTTC TTTCAGCAGG GGACAGCCCG ATTGGGGACA 120  
ATGGCGTCTC TTGGCCACAT CTTGGTTTTT TGTGTGGGTC TCCTCACCAT GGCCAAGGCA 180  
GAAAGTCCAA AGGAACACGA CCCGTTCACT TACGACTACC AGTCCCTGCA GATCGGAGGC 240  
CTCGTCATCG CCGGGATCCT CTCATCCTG GGCATCCTCA TCGTGCTGAG CAGAAGATGC 300  
CGGTGCAAGT TCAACCAGCA GCAGAGGACT GGGGAACCCG ATGAAGAGGA GGGAACCTTC 360  
10 CGCAGCTCCA TCCGCCGTCT GTCCACCCGC AGGCGGTAGA AACACCTGGA GCGATGGAAT 420  
CCGGCCAGGA CTCCCCTGGC ACCTGACATC TCCCACGCTC CACCTGCGCG CCCACGGGCC 480  
CCTCCGCCGC CCCTTCCCCA GCCCTGCCCC CGCAGACTCC CCCTGCCGCC AAGACTTCCA 540  
ATAAACGTG CGTTCCTCTC GACAAAAAA AAA 573

## 15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 486 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

40 GCCGCACGGC TTGCTGGGGC TGGGCTCTTC CTCGCGGAAG TGGGGAGGAG GCGGTTGCGG 60  
TTAGTGGACC GGGACCGGTA GGGGTGCTGT TGCCATCATG GCTGACCCCG ACCCCCGGTA 120  
CCCTCGCTCC TCGATCGAGG ACGACTTCAA CTATGGCAGC AGCGTGGCCT CCGCCACCGT 180  
GCACATCCGA ATGGCCTTTC TGAGAAAAGT CTACAGCATT CTTTCTCTGC AGGTTCTCTT 240  
AACTACAGTG ACTTCAACAG TTTTTTTATA CTTTGAGTCT GTACGGACAT TTGTACATGA 300  
45 GAGTCCTGCC TTAATTTTGC TGTTTGCCCT CGGATCTCTG GGTTTGATTT TTGCGTTGAC 360  
TTTAAACAGA CATAAGTATC CCCTTAACCT GTACCTACTT TTTGGATTTA CGCTGTTGGA 420  
AGCTCTGACT GTGGCAGTTG TTGTTACTTC TATGATGTAT ATATTATCTG CAAGCTTTCA 480  
TACTGA 486

## 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:



- (A) LÄNGE:662 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

CTTTTTTCCT	CTACTCCTTC	CCCTTCACAC	CCCCGTGGCT	GGAAGGAACC	TCGGCTTCCC	60
TGAAAGCTTG	GGGGTCCCAC	CCTTCTTACC	CCACCCGGA	GGAACGCCCA	GGGCCCCGGG	120
CTTGTTTCTC	CTCTGTGTTT	CCTTTTGGGC	AGTTTGATCA	CTGATCGAGT	AAGGAATGAC	180
CTTTAGATTG	TGCGACTTTT	GTTTTGTGTT	TTTAAATTT	TTTAAACCA	AGAATGATTT	240
CTCCTGCTTC	CTTCTCCTCA	CCATCTTCCC	AGACGGAGTT	CAAAGGCCAC	TTCTCAAGCA	300
GCTTTTGGCA	CCTTCAGCCT	CAGAGTGGAA	TCTTTTAAAG	ACAGGACCCC	TATGTCCAGG	360
AAAGGGGAAA	AGGAACCTTG	CCAATGATAG	TGACCACAGC	AAAAGCAATA	AAATAATAAA	420
ATAAAAAACA	ATAGCACAGC	CCTTGTTGAG	GTCAGCAGGG	AGGAGGGGCT	GCCCGGAGTT	480
GGGTCCTTGC	CTGGATTTTG	ACACAGCAAC	TTCCTGTAGT	GAGCACTTTG	TATGAATCGT	540
GGACTTCCTG	TTCTCAAGGC	GCAGGTATTT	ATTCTGTATC	TGTCTAGAGC	ACACACCAA	600
ATCCAACCTT	CTAATAAACA	TGATGGCGCA	GTCCCAAAAA	AGGAAACAGA	AGAAGAAAAG	660
GG						662

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:750 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```
10 ATAGATTTTG AGGGGAAGGA GAGAGGGAAG GGTCAGGGTA GAGACACCCC TCCCTTGCCC 60
   CTTTCCTGGG CCCAGAAGTT GGGGGGAGGG AGGGAAAGGA TTTTACATT TTTTAACTG 120
   CTATTTTCTG AATGGAACAA GCTGGGCCAA GGGGCCAGG CCCTGTCCTC TGTCCCTCAC 180
   ACCCCTTTGC TCCGTTTATT CATTCAAAA AACATTTCTT GAGCACCTTC TGTGCCCAGC 240
   ATATGCTAGG CCCACCAGCT AAGTGTGTGT GGGGGGTCTC TACGCCAGCT CATCAGTGCC 300
15 TCCTTGCCCA TCCTTCACCG GTGCCTTTGG GGGATCTGTA GGAGGTGGGA CCTTCTGTGG 360
   GGTTCGGGGA TCTCCAGGAA GCCCGACCAA GCTGTCCCCT TCCCCTGTGC CAACCCATCT 420
   CCTACAGCCC CCTGCCTGAT CCCCTGCTGG CTGGGGGCAG CTCCCAGGAT ATCCTGCCTT 480
   CCAACTGTTT CTGAAGCCCC TCCTCCTAAC ATGGCGATT CCGAGGTCAA GGCCTTGGGC 540
   TCTCCCCAGG GTCTAACGGT TAAGGGGACC CACATACCAG TGCCAAGGGG GATGTCAAGT 600
20 GGTGATGTCT TGTGCTCCC CTCCCCAGA GCGGGTGGGC GGGGGGTGAA TATGGTTGGC 660
   CTGCATCAGG TGGCCTTCCC ATTTAAGTGC CTTCTCTGTG ACTGAGAGCC CTAGTGTGAT 720
   GAGAACTAAA GAGAAAGCCA GACCCCTAAA 750
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1001 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

```
50 GGGGGAGAGA GGGAGGCCTT TGGGCGGTGG GGGCCACGGG GAGGGTGGTC CTCGGACTAC 60
   GTGCGGGACA GGAGGTCAGG GCTGGCAAGT CCCTCAGGCC TCCCTCGTTG CCCCAGCCTC 120
   GCGGGCCGCC TAACTGCCCC GTTCCAAGGG TGCCACCGGA CCCCCTGGA GAGGAACTTC 180
   TCCGTGGCT GATTTCATCA CCACCCATTC CCGATTCCAC GTTTCCTTTA AGCGGGGCTG 240
```

GCGGAGCGCA AGGGGGCAAG GAACTGGATT GCGATTGGTC AGCACGTGCC TCGGTCCGGC 300  
 GTACAATTGG CTGAGGCGCT GGGCCTTGGG AAGCATTCCC CGACGGGATT GGTCTGCTGCT 360  
 CTCGCAGAGC CCGCCTCCCG CAGTACAAGC GGCCCCCGGG TGGGGGGGGA GGAGGGGACT 420  
 CCGGGAGGAG GAACATGGCG GTGGCGGACC TCGCTCTCAT TCCTGATGTG GACATCGACT 480  
 5 CCGACGGCGT CTTCAAGTAT GTGCTGATCC GAGTCCACTC GGCTCCCCGC TCCGGGGCTC 540  
 CGGCTGCAGA GAGCAAGGAG ATCGTGCGCG GCTACAAGTG GGCTGAGTAC CATGCGGACA 600  
 TCTACGACAA AGTGTCGGGC GACATGCAGA AGCAAGGCTG CGACTGTGAG TGTCTGGGCG 660  
 GCGGGCGCAT CTCCCACCAG AGTCAGGACA AGAAGATTCA CGTGTACGGC TATTCCATGG 720  
 CCTATGGTCC TGCCAGCAC GCCATTTCAA CTGAGAAAAT CAAAGCCAAG TACCCCGACT 780  
 10 ACGAGGTCAC CTGGGCTAAC GACGGCTACT GAGCACTCCC AGCCCGGGGC CTGCTGCCTC 840  
 CAGCAGCCAC TTCAGAGCCC CCGCCTTTGC CTGCACTCCT CTTGCAGGGC TGGCCCTGCC 900  
 TGCTCCTGCG GCAGCCTCTG GTGACGTGCT GTCCACCAGG CTTGGAGAC AGGCTAGCCT 960  
 GCCACAGAA TTAAACGTGT TGCCACACCT GCCGGCTTCT G 1001

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 580 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 20 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

40 CGAAACGTGC GCAGGCGCCG GCCGCTGCGC TGCAGATGGC GGAAATGGAT CCGGTAGCCG 60  
 AGTTCCCCCA GCCTCCCGGT GCTGCGCGCT GGGCTGAGGC CCTTCTGCGA TGTTTTACCT 120  
 GGCTGCGGCT GTGTCAGATT TCTATGTTCC TGTCTCTGAA ATGCCTGAAC ACAAGATCCA 180  
 GTCATCTGGG GGCCCACTGC AGATAACAAT GAAGATGGTG CCAAACTGC TTTCTCCTTT 240  
 GGTTAAAGAT TGGGCTCCCA AAGCATTTAT AATTTCTTTT AAGTTGGAGA CTGACCCCGC 300  
 45 CATTGTAATT AATCGAGCTC GGAAGGCTTT GGAAATTTAT CAGCATCAAG TGGTGGTGGC 360  
 TAATATCCTT GAGTCACGAC AGTCCTTTGT GTTTATTGTA ACCAAAGACT CGGAAACCAA 420  
 GTTATTGCTA TCAGAGGAAG AAATAGAAAA AGGCGTAGAG ATAGAAGAGA AGATAGTGGA 480  
 TAATCTTCAG TCTCGACACA CAGCTTTTAT AGGTGACAGA AACTGAAGTA AAAAGCCCTT 540  
 ATAGGATCAA AAATTGTTCA GGGCTCTTAG AGATGGTGAA 580

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 740 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

GGATGCGTGG	CGGGGAGCGC	CGGGCTCTCC	CGGAAGTCTC	CCTGGACGGA	AGTGGAAACG	60
GAAACCTTTT	TAGGGAGTCC	AAGGTACAGT	CGCCGCGTGC	GGAGTTGTTA	CTGGTTACTT	120
GGCCTCATGG	CGGTCCGAGC	TTCGTTTCGAG	AACAACGTG	AGATCGGCTG	CTTTGCCAAG	180
CTCACCAACA	CCTACTGTCT	GGTAGCGATC	GGAGGCTCAG	AGAACTTCTA	CAGTGTGTTC	240
GAGGGCGAGC	TCTCCGATAC	CATCCCCGTG	GTGCACGCGT	CTATCGCCGG	CTGCCGCATC	300
ATCGGGCGCA	TGTGTGTGGG	GAACAGGCAC	GGTCTCCTGG	TACCCAACAA	TACCACCGAC	360
CAGGAGCTGC	AACACATTCG	CAACAGCCTC	CCAGACACAG	TGCAGATTAG	GCGGGTGGAG	420
GAGCGCTCT	CAGCCTTGGG	CAATGTCACC	ACCTGCAATG	ACTACGTGGC	CTTGGTCCAC	480
CCAGACTTGG	ACAGGGAGAC	AGAAGAAATT	CTGGCAGATG	TGCTCAAGGT	GGAAGTCTTC	540
AGACAGACAG	TGGCCGACCA	GGTGCTAGTA	GGAAGCTACT	GTGTCTTCAG	CAATCAGGGA	600
GGGCTGGTGC	ATCCCAAGAC	TTCAATTGAA	GACCAGGATG	AGTGTCTCTC	TTTTCAAGTC	660
CCTTGTTGCG	GGGATGTGAA	CGAAGCATT	AGTGATTCTT	GGGATGTGTA	TAATGTGTCC	720
TTCGTGCCTG	AAACCACCAG					740

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 975 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

ATGGGCTACA ACCTGAGCCC CCAGTTCACC CAGCTTCTGG TCTCCCGCTA CTGCCCACGC 60  
TCTGCCAATC CTGCCATGCA GCTTGACCGC TTCATCCAGG TGTGCACCCA GCTGCAGGTG 120  
CTGACAGAGG CCTTCCGGGA GAAGGACACA GCTGTACAAG GCAACATCCG GCTCAGCTTC 180  
GAGGACTTCG TCACCATGAC AGCTTCTCGG ATGCTATGAC CCAACCATCT GTGGAGAGTG 240  
GAGTGCACCA GGGACCTTTC CTGGCTTCTT AGAGTGAGAG AAGTATGTGG ACATCTCTTC 300  
TTTTCTGTGC CCTCTAGAAG AACATTCTCC CTTGCTTGAT GCAACACTGT TCCAAAAGAG 360  
GGTGGAGAGT CCTGCATCAT AGCCACCAA TAGTGAGGAC CGGGGCTGAG GCCACACAGA 420  
TAGGGGCCTG ATGGAGGAGA GGATAGAAGT TGAATGTCCT GATGGCCATG AGCAGTTGAG 480  
TGGCAGAGCC TGGCACCAGG AGCAGGTCCT TGTAAATGGAG TTAGTGTCCA GTCAGCTGAG 540  
CTCCACCCTG ATGCCAGTGG TGAGTGTTCA TCGGCCTGTT ACCGTTAGTA CCTGTGTTCC 600  
CTCACCAGGC CATCCTGTCA AACGAGCCCA TTTTCTCCAA AGTGGAAATCT GACCAAGCAT 660  
GAGAGAGATC TGTCTATGGG ACCAGTGGCT TGGATTCTGC CACACCCATA AATCCTTGTC 720  
TGTTAACTTC TAGCTGCCTG GGGCTGGCCC TGCTCAGACA AATCTGCTCC CTGGGCATCT 780  
TTGGCCAGGC TTCTGCCCTC TGCAGCTGGG ACCCCTCACT TGCTGCCAT GCTCTGCTCG 840  
GCTTCAGTCT CCAGGAGACA GTGGTCACCT CTCCCTGCCA ATACTTTTTT TAATTGTCAT 900  
TTTTTTTCAT TTGGGGCCAA AAGTCCAGTG AAATTGTAAG CTTCAATAAA AGGATGAAAC 960  
TCTGGA AAAA 975

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 854 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```

5  GAACACACAC ACAGGTGTTT TGACCAGCTC AGGCTTGCCA CAGTGAGCAA CTCTGTGGCT 60
   AGCAAAAGAG AAGTTTATTT GTGCCAGGCC ATTGGTCACC TTGGGTGATG CACCAGATAG 120
   CAGGCAGATG TTGGTTCATT GGCCTTCGTC CTCTTTCCTC CTAAAATAAT ATTGGCTTTA 180
   CCATCTTAAC TCAGCTGTGG GTTTTTTGTG GGTCTTGTG TGTTTTTTGG CATGAATTGT 240
   CATCTTTGGT GTTTTTTTAA CCCCAGCCC CTCAAAAAAA TAAGGCCTCC AGGTATCAAG 300
   ATCTCATATT AGGATTTTCT GTCCTTAATT TTTTGAGCAA AATCTGGAAA ATGTGAAAGC 360
   ATATTTAGAT TTTATATACT ATCTGAAATG TGATTTGTGA AGATTCTTAA ATTTGGGCCT 420
   CTTAGAATAA TTTTGAATGA GATCTACCGA CTCACTTGTG AGAATATTTT TCACAGATTA 480
10 TCTTTGGGCC TTTTCATTAG AAAGCTGTTT GTTTGTCCCC CTGTTGGTAC ATTTGGTTAC 540
   CTCATTTTGC CGTTTCAGAT TGTGAAAGCT CACAGGGGTG TTTTTTGGAA TCATTTGCTG 600
   AGTCATTTTC TCAAATCATA TTCCATTGTA TCAGTTAACA TATAGTTTTA AATGTATGTA 660
   TTATAAATAT CTGTAACCAA ATCATTTGAA GGCTTGATAA ATTTTAAACA AAGTTTGTAC 720
   ATTTTTTATG AAAGTTACTA GTAATGCTTT ACTAAGTAGT GCAATGAATT TTTATTTTAA 780
15 ATCCCTGTGC CCAATTTTGG AGTTGAGAGG GTTGTGGTA ATAAATGTAT GATGTACACT 840
   TAAAAA AAAA 854

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

## 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 802 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

```

45 TTTTTTTCAG AGTGCTAGGG CTTTATTACA AATGGAGTTG ACTGCTAGAG AGGCCCTTCT 60
   CCAATCTTTC TTCTGTACCT TCTTCCCTCC CAAAGACATC CCTCTAGGGG AGGTCAGTAG 120
   GCCATTAGGT AGGAGGAAAT CTGGAGAGTG AAAAGGGGCC TTGCTTTTGT CAAAGTCCTC 180
   TGAACAACCC ACTGAGTCTG AAGGCTGGCT CCAGTTGAGA ATCTTCTAGT GGAAGAGGTT 240
   TAGCTCTCAT GTTCAAGGTC CTTCAATTCT ACATCCTGGG GGGCTTTTGT CTTCTTTTGC 300
   CTTTTGAGCT GTGGTTCAC TCTCCTGGCT GGCTTTGAAG GGGCTTCCAC TTCCATGGCT 360
   GTCTTCTCTT TCTGGGCAAG CCGGATCTGC TGGAGGAGTT TTCTGCGCTT CTTCCCTGAC 420
50 AGTGTAATGT TGGCACGTGC ACTGGACGCC CGCTTCTTGA GGTGGTGCCG CGTGATCAGC 480
   CCTTGGTCTA TCACAGCCCC GACCACCCGG TGCTCAGAC GCCGCTCCCG ATTCAACACC 540
   CGCCGGCGTT TGAACAGCTT CTTCTTCAGC TCCGTTCCGG GCCGGTTGAT CTTTCCCCCC 600
   GGAGCTCCCA TAGTCGCGAT TCCACTCCAG TTCACGGTCC GTACTTCCGC TCAGCGCCGG 660
   ATCCGCGGGC TCCGCCCGG CCTTCCGCGG GCCAATCGCA ACTCGGGGGC GGGTCTCGG 720

```

GCTATATAAA GGAGCTCCGC GGTGCGGGAG GCCTTTCGGA GGGTGGTGAG CTAGTAAGTG 780  
TGGTTTTAGC TGTAGTAGCC AG 802

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 807 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

CCCCGTCCGC GCGTGGTGGC TGCTGCTGTG CATGTCCCTG CGATGGGAGT CTTGTGCCCCA 60  
30 GCCTGTCACT TTCCTCCCCA GGGCAGAGCT CCCCTTCTTG CAAGAGTCTG GGAGGCGGTG 120  
CAGGCTGTCC TGGCTGCTCT GGGGAAGCCG AGGGACAGCC ATAACACCCC CGGGACAGTA 180  
GGTCTGGGCG GCACCACTGG GAACTCTGGA CTTGAGTGTG TTTGCCTCTT CTTGGGTAT 240  
GAATGTGTGA GTTCACCCAG AGGCCTGCTC TCCTCACACA TTGTGTGGTT TGGGGTTAAT 300  
GATGGAGGGA GACACCTCCT CATAGACGGC AGGTGCCCCAC CTTTCAGGGA GTCTCCCAGC 360  
35 ATGGGCGGAT GCCGGGCATG AGCTGCTGTA AACTATTTGT GGCTGTGCTG CTTGAGTGAC 420  
GTCTCTGTCTG TGTGGGTGCC AAGTGCTTGT GTAGAACTG TGTTCTGAGC CCCCTTTTCT 480  
GGACACCAAC TGTGTCCTGT GAATGTATCG CTAAGTGTGAG CTGTTCCCGC CTAGCCAGGG 540  
CCATGTCTTA GGTGCAGCTG TGCCACGGGT CAGCTGAGCC ACAGTCCCAG AACCAAGCTC 600  
TCGGTGTCTC GGGCCACCAT CCGCCACCT CGGGCTGACC CCACCTCCTC CATGGACAGT 660  
40 GTGAGCCCCG GGCCGTGCAT CCTGCTCAGT GTGGCGTCAG TGTCGGGGCT GAGCCCCTTG 720  
AGCTGCTTCA GTGAATGTAC AGTGCCCGGC ACGAGCTGAA CCTCATGTGT TCCACTCCCA 780  
ATAAAAGGTT GACAGGGAAA AAAAAA 807

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 777 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

CTCTCTGCCA	GCTGATGTGC	CCTGTTGCCC	CCCACCCCAT	CCCGCACAGA	ACCATCCCTG	60
CATTCCACAG	GGGACTCGGG	CAAGGGTGCC	GAAGATAGAC	AAGAGGCACA	CAGAGACAGA	120
CCAAC TG GCA	GCCAGGCAGC	CCCAGAGGAG	AGAGACATTC	AGACAGAGGA	AAGTCTCCCT	180
GCCCCTCATT	CCTTCCAAGA	TGAGAAAAAC	TTGCCGCCAC	CCCCCGACAC	TGATGCCAGG	240
GAGGTGGGAG	GAAGAAGTGG	GAAATTTCCC	TTCCAGTAC	CCCCAAGAAC	GTCTGAGCCT	300
TCAATGTTGA	ATTTTTTCTT	TATTAATAAT	ACTTTTATCT	TATAAATCA	ACTAATCAAA	360
AATGATATAG	ACGACAGCAC	TGGCTCTGTG	AAGGTGGCAT	CTTTCTGGGC	AGGCAGGCCA	420
TGGGGCATGG	AGGAGGGTGC	AAAGATATGG	GTTGCTGTCT	TCTGGCCTCC	AGCTGCATGG	480
AGGCCGGCCC	AGGGTCTAGG	GTGTGCACTG	GGCAAGGGCA	GGGCGGCAGG	TGTCAGGCCG	540
GCTTGGACAA	TGAAACCCCTG	ACCTTGCTGC	ATTCTTTTGG	CTTCCACCAC	CACTAGCTTC	600
TTTGGAATCT	TGGGGTGGGG	GTCATCTTTG	GGGATTATGG	CTGCCACCCG	GGATTTGAGT	660
GTAGGGAGTG	TGGGAGCAGC	CTTGGCAGAT	GGGGCACCCG	TGCCCTGCAG	GTGTTGACAA	720
GATCCGCCAT	CTGTAATGTC	CTTGGCACAA	TAAAACCAAA	TGTCAGTTTC	AAAAAAA	777

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 501 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:



## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

5  
CCGGATTCCG CCCC GCCCGC TGC GATCCGG TTCCGCTCCC CACAACCCGC TCTGTGGCGG 60  
GGCTTCCGGT CGGGAGGGTC CGCCAGCTCT CGCGTCCTTT GCTGGGTCCA GACACCGGTT 120  
CCGTTGCAAA CATT TTTTAAA GGGCTGGTTA TTCTTCCTGA AATGAGTTTG GTGATTAGAA 180  
ATCTGCAGCG AGTCATCCCC ATCAGGAGAG CGCCACTTCG CAGTAAGATC GAGATTGTAA 240  
10 GGAGGATTTT AGGAGTGCAG AAATTTGACC TGGGGATCAT CTGTGTTGAC AACAAGAATA 300  
TTCAGCACAT TAATAGAATC TACAGAGATA GAAATGTCCC AACCGATGTG CTTTCTTTTC 360  
CATTTTCATGA GCATCTGAAA GCAGGTGAAT TTCCCCAGCC TGATTTTCCA GATGACTACA 420  
ATTTGGGAGA CATTTTCCTA GGAGTGGAGT ATATCTTCCA TCAGTGTAGA GAAGATGAAG 480  
ATTACAATGA CGTCCTGACT G 501

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20 (A) LÄNGE: 1104 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

40  
ATTTTGACCC TAAACTTTTG GAAGGAAAAG TAAAGGAGGA TCCTGACCAG GGGGAATCCA 60  
TGAAACCTTT AACCTTTGCA AGGTTCTACT TGCCAATTCT GGTTCCCAGC GCAAAGAAGG 120  
CCATATACAT GGATGATGAT GTAATTGTGC AAGGTGATAT TCTTGCCCTT TACAATACAG 180  
CACTGAAGCC AGGACATGCA GCTGCATTTT CAGAAGATTG TGATTCAGCC TCTACTAAAG 240  
45 TTGTCATCCG TGGAGCAGGA AACCAGTACA ATTACATTGG CTATCTTGAC TATAAAAAGG 300  
AAAGAATTCG TAAGCTTTCC ATGAAAGCCA GCACTTGCTC ATTTAATCCT GGAGTTTTTG 360  
TTGCAAACCT GACGGAATGG AAACGACAGA ATATAACTAA CCAACTGGAA AAATGGATGA 420  
AACTCAATGT AGAAGAGGGA CTGTATAGCA GAACCTTGGC TGGTAGCATC ACAACACCTC 480  
CTCTGCTTAT CGTATTTTAT CAACAGCACT CTACCATCGA TCCTATGTGG AATGTCCGCC 540  
50 ACCTTGTTTC CAGTGCTGGA AAACGATATT CACCTCAGTT TGTAAGGCT GCCAAGTTAC 600  
TCCATTGGAA TGGACATTTG AAGCCATGGG GAAGGACTGC TTCATATACT GATGTTTGGG 660  
AAAAATGGTA TATTCCAGAC CCAACAGGCA AATTCAACCT AATCCGAAGA TATACCGAGA 720  
TCTCAAACAT AAAGTGAAAC AGAATTTGAA CTGTAAGCAA GCATTTCTCA GGAAGTCTTG 780

GAAGATAGCA TGCCTGGGAA GTAACAGTTG CTAGGCTTCA ATGCCTATCG GTAGCAAGCC 840  
 ATGGAAAAAG ATGTGTCAGC TAGGTAAAGA TGACAACTG CCCTGTCTGG CAGTCAGCTT 900  
 CCCAGACAGA CTATAGACTA TAAATATGTC TCCATCTGCC TTACCAAGTG TTTTCTTACT 960  
 ACAATGCTGA ATGACTGGAA AGAAGAACTG ATATGGCTAG TTCAGCTAGC TGGTACAGAT 1020  
 5 AATTCAAAAC TGCTGTTGGT TTTAATTTTG TAACCTGTGG CCTGATCTGT AAATAAACT 1080  
 TACATTTTTC AAAAAAAAAA AAAA 1104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 810 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

GCCATCCTTT ATCATCCACA GCAATCCCAT CTGGTTGGGA GCACTGCTCT GGGTCTCACA 60  
 CTGCCCCTCC TCTATCCTAG GGAGCCTGAG GCCCAGGGGT GGAAAGATCC AGTTGCGGGT 120  
 35 GGGGGGTTAGT GAACCGTGCA GGATAATGAA AGCAACTTGC TTTGGAAATG ACCTACCGCT 180  
 ACCCGTTGTC TGAGACTGAG ATTATCTCAG ACTGTCTTCT GGCTTCTGCC AAAAAGCTCC 240  
 CTTAACAGAA AGCACCAGAG GGATGGGGGT AGGGGGGTTG GGGAGAGTGA GGCTTGAGTG 300  
 TGAAGGAAGT CTCATATATG CAGAGCTGAA ATCTCCCTCT TTGTATGTCC AACTTTTGT 360  
 CTTGTTCTCT AGACTGATTG TTGCTATTCC AAATCCTCTT CCACGTTGAC AGCCCTTCAG 420  
 40 ATATTTCAAC ACTCCTCTCA GCATCCTCCA CTTCCCCCAT CTCTCCAAGC TGAACCTGGT 480  
 TCACAGGGTG GGATTGTGTA TGTGCATGCA GGAGGTGGGG GTGGACAGTG CCCTGGGCTG 540  
 GAATCCCCCT TAGTTCTAAG TGCCTCCTTG CCCGAGCTT CGAGAGCTGT GCCCAGGAGT 600  
 GAACAACCAG CCCTACCTCT GTGAGAGTGG TCACTGCTGC GGGGAGACTG GCTGCTGCAC 660  
 CTACTACTAT GAGCTCTGGT GGTTCTGGCT GCTCTGGACT GTCCTCATCC TCTTTAGCTG 720  
 45 CTGTTGCGCC TTCCGCCACC GACGAGCTAA ACTCAGGCTG CAACAACAGC AGCGGCACGT 780  
 GGAAATCAAC TTGTTGGCCT ATCATGGGGC 810

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 826 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

TGGAAATCAT	GGCAACTACA	CAGGATGTTG	CTTACCAGGA	CGGAGTTTTG	GATCTTAGT	60
ACTGAAGTTA	GCACTATGTT	TACATGCAAA	AGATTAAGGA	AAAAACCCCT	AAAGTGGACA	120
GGTATCCAAA	GTTCAATTTT	TGTGACTCAT	CAAAGTGACA	AAAGACTTGT	AACAACTTTG	180
CCTGGACTTT	TTTCATTTTA	CAACAGTTCA	TCCATTCACA	ATGATTTTGT	TCTCTGCTCC	240
ATATTTTTTA	ATCCCTTAAG	CATTTGATGA	AACACTCTTT	AGTGCTATAT	GCATTTTCTT	300
ACTTTTGTTA	AAAATGTGAC	AATTGTCAAA	AAATGCACTA	AAATGTAAAT	GGAGATTGAA	360
CAAGTTCACT	TTCCAGCTTA	TAGGCAACTT	TATACAGACT	TGAACATTTT	CTCCAGTTGT	420
TTAGTAAAAG	TGAAAGAGAA	AGGGTTTTTC	CTGCCACAGG	ATATAACTTT	TTTTTATATA	480
ACAAGCATAA	CACACCACTG	CTTTTGGTGG	AAAAGTGCAG	AATAGTATGT	ACCTTTTATG	540
AAGAAAAATG	TAATTTACAA	TATTCAGTGA	GAATGTTACT	GCTGATTTTC	TTTCCAAGG	600
TGTAGAATAT	TCTTTGATTT	ATAGAATTCA	TTTTTGACCC	AGATGATGGT	TCCTTTACAG	660
AACAATAAAA	TGGCTGAACA	TTTTCACAAA	TAGAGTGTA	CGAAGTCTGG	ATTTCTGATA	720
CCTTGTCATT	TGGGGGATTT	TATTTTACTT	TGTTGCTTTA	AAATTCAATG	CAGAGAAGTT	780
GTTGACTGTA	GGGGAAATAA	AGTTAATTCA	AATTTTGAAA	AAAAAA		826

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 578 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

10	GTTCTTAACT	GTTCCATTTT	CCGTATCTGC	TTCGGGCTTC	CACCTCATTT	TTTTCGCTTT	60
	GCCCATTCTG	TTTCAGCCAG	TCGCCAAGAA	TCATGAAAGT	CGCCAGTGGC	AGCACCGCCA	120
	CCGCCGCCGC	GGGCCCCAGC	TGCGCGCTGA	AGGCCGGCAA	GACAGCGAGC	GGTGCGGGCG	180
	AGGTGGTGCG	CTGTCTGTCT	GAGCAGAGCG	TGGCCATCTC	GCGCTGCGCC	GGGGCGGCCG	240
	GGGCGCGCCT	GCCTGCCCTG	CTGGACGAGC	AGCAGGTAAA	CGTGCTGCTC	TACGACATGA	300
15	ACGGCTGTTA	CTCACGCCTC	AAGGAGCTGG	TGCCCCACCCT	GCCCCAGAAC	CGCAAGGTGA	360
	GCAAGGTGGA	GATTCTCCAG	CACGTCATCG	ACTACATCAG	GGACCTTCAG	TTGGAGCTGA	420
	ACTCGGAATC	CGAAGTTGGA	ACCCCCGGGG	GCCGAGGGCT	GCCGGTCCGG	GCTCCGCTCA	480
	GCACCCTCAA	CGGCGAGATC	AGCGCCCTGA	CGGCCGAGGC	GGCATGCGTT	CCTGCGGACG	540
	ATCGCATCTT	GTGTCGCTGA	AGGCCTCCCC	CAGGGACC			578

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 799 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

45	AGCTTTTGTG	CACACTTTAA	ATAGCAGTCC	CAGAATGATT	TCACTACAGA	CTCTCTGGAA	60
	AGCCTGGGAG	CTGAATTCCG	GAAGATCCCC	ACATCGATGA	AAGCAAAGCG	AAGCACCAAG	120
	CCATCATCAT	GTCCACGTCG	CTACGAGTCA	GCCCATCCAT	CCATGGCTAC	CACTTCGACA	180
	CAGCCTCTCG	TAAGAAAGCC	GTGGGCAACA	TCTTTGAAAA	CACAGACCAA	GAATCACTAG	240
50	AAAGGCTCTT	CAGAAACTCT	GGAGACAAGA	AAGCAGAGGA	GAGAGCCAAG	ATCATTTTTG	300
	CCATAGATCA	AGATGTGGAG	GAGAAAACGC	GTGCCCTGAT	GGCCTTGAAG	AAGAGGACAA	360
	AAGACAAGCT	TTTCCAGTTT	CTGAAACTGC	GGAAATATTC	CATCAAAGTT	CACTGAAGAG	420

AAGAGGATGG ATAAGGACGT TATCCAAGAA TGGACATTCA AAGACCAAGT GAGTTTGTGA 480  
 GATTCTAACA GATGCAGCAT TTTGCTGCTA CCTTACAAGC TTCTCTTCTG TCAGGACTCC 540  
 AGAGGCTGGA AAGGGACCGG GACTGGAAAG GGACCAGGAC TGAACAGACT GGT'TACAAAG 600  
 ACTCCAAACA ATTTTCATGCC CTGTGCTGTT ACAGAGGAGA ACAAATGCT TTCAGCAAGG 660  
 5 ATTTGAAAAC TCTTCCGTCC CTGCAGGAAA GGATTGACGC TGATAGAAGA GCCTGGACAG 720  
 ATGTAATGAG AACTAAAGAA AACGATGGCT GGAGATGACA TTTATCCAGG GTCAC'TTTGT 780  
 CAGGCCCTAG GACTTAAAT 799

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1743 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

AATTTATTTT TTTTTCATGG TCTGTCAGGT TTTATTTATA GAGTCTGGTG AACTTGAACT 60  
 35 AGAGAAAAGCT GCAAAAAGTG GTTTGGAGAG CATGGCAGGG CCATGGAGAA GGGCTAATAG 120  
 AAGCAGGTCC CTTGCCAGAG CCCTCAGGGA GCCCTTTTGG TGGATAGCGG ACACCTGAGG 180  
 CAGGAGGTGG CAGGGGCCAA GTCCAGGCAG GCAGCAGCAG GGCTGCAACT GAGAGCTGAG 240  
 GCTGGAGAGG TAGCGCTCGC CCTAACCTGA TCCTGCAGGT CTCAGGCCCT GGGGTCATAT 300  
 ACTCGCCCCA TGAAGACAGG GAACTTGTGC TGCTGGTCCC AGAGCACGAA GAGGAAGGGC 360  
 40 TGCTGCACTT CAAAGACCAG CAGGGTGCGG GCCACAGAGA TGGCGGAGGC TGCAGCCGCC 420  
 TCCACCCAG TCTCTGTCAG TTCCAGCACT GTCTGGTGCT GCATCGCAGA AACCTGAAGA 480  
 TCTGGGTCCT CTGTCAGCCC ACACAGGTTA AGGTCATAAG AAAAATCGAA GAATTCCAAT 540  
 TTCTCCATGA TTGAGAGCAT ATCCTGGCTG GTCGTCACCT TGATGCGGGG TAGTGTTAGG 600  
 AGAGTGGGCT GGAACCTTGA CATCTCCAGT TTCTCCATGA TGGCCTTGAA AACAGAAGGG 660  
 45 CTGAGAGCCT GTTCCATGTC TTCAAGACGA TGTTTCAGGT TCTGGGGTAC CAGGATCACC 720  
 AAATCAGAT TGTGGGAGAG CTGCAGCTGC CCCACCTTGG CTTTCAAAGT TTGGTCAATG 780  
 AAATGGGCCA CAGGGTACTT CTTGCTATTG ATCATGGGCA CTTTTATAAC TGAGTTTTTG 840  
 AAGTGAAAGG GTTCCATTCT GGT'TTCTTG GGATCAAATG TTGTCTTCCA CTTGGCACTC 900  
 AGGTAGATAG CATTGAGGAG GACAAGGCGG GTATCGGAGG GCAGACTGTC TAGCAGCCGG 960  
 50 CTGATCTTGT TGTGGTGTT CTTGGCCACC CAGGTGTTGA TGAGCTCAA AGTTGAATAG1020  
 CAAGAAGTAC CCTGTGGCCC ATTTTCATTGA CCAAAC'TTG AAAGCCAAGG TGGGGCAGCT1080  
 GCAGCTCTCC CACAATCTGA GTTTGGTGAT CCTGGTACCC CAGAACCTGA AACATCGTCT1140  
 TGAAGACATG GAACAGGCTC TCAGCCCTTC TGTTTTCAAG GCCATCATGG AGAAACTGGA1200

GATGTCCAAG TTCCAGCCCA CTCTCCTAAC ACTACCCCGC ATCAAAGTGA CGACCAGCCA1260  
 GGATATGCTC TCAATCATGG AGAAATTGGA ATTCTTCGAT TTTTCTTATG ACCTTAACCT1320  
 GTGTGGGCTG ACAGAGGACC CAGATCTTCA GGTTCCTGCG ATGCAGCACC AGACAGTGCT1380  
 GGAAGTACA GAGACTGGGG TGGAGGCGGC TGCAGCCTCC GCCATCTCTG TGGCCCGCAC1440  
 5 CCTGCTGGTC TTTGAAGTGC AGCAGCCCTT CCTCTTCGTG CTCTGGGACC AGCAGCACAA1500  
 GTTCCTGTC TTCATGGGGC GAGTATATGA CCCCAGGGCC TGAGACCTGC AGGATCAGGT1560  
 TAGGGCGAGC GCTACCTCTC CAGCCTCAGC TCTTCAGTTG CAGCCCTGCT GCTGCCTGCC1620  
 TGGAAATGGC CCCTGCCACC TCCTGCCTCA GGTGTCCGCT ATCCACCAA AGGGCTCCCT1680  
 GAGGGTCTGG GGCAAGGGAC CGTGCTTCTA ATTAAGCCCT TCTTCCAATG GGCCTTGCAT1740  
 10 GGC 1743

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1183 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

30

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

GCCAATCGAA TCGTCCTGGG AGGCTTTTCA CAGGGCGGGG CCCTGTCCCT CTACACGGCC 60  
 CTCACCTGCC CCCACCCTCT GGCTGGCATC GTGGCGTTGA GCTGCTGGCT GCCTCTGCAC 120  
 CGGGCCTTCC CCCAGGCAGC TAATGGCAGT GCCAAGGACC TGGCCATACT CCAGTGCCAT 180  
 40 GGGGAGCTGG ACCCATGGT GCCCGTACGG TTTGGGGCCC TGACGGCTGA GAAGCTCCGG 240  
 TCTGTTGTCA CACCTGCCAG GGTCCAGTTC AAGACATACC CGGGTGTCAT GCACAGCTCC 300  
 TGTCTCAGG AGATGGCAGC TGTGAAGGAA TTTCTTGAGA AGCTGCTGCC TCCTGTCTAA 360  
 CTAGTCGCTG GCCCCAGTGC AGTACCCAG CTCATGGGGG ACTCAGCAAG CAAGCGTGGC 420  
 ACCATCTTGG ATCTGAGCCG GTCGAGCCCC TGTCCCCACC CTTCTTGACC TGTCTTTTC 480  
 45 CCACAGGCCT CTGGGGGCGAG GTGGCAAGGC CTGGCCGGGC CTTCTTCCCT GGCCTTAGCC 540  
 ACCTGGCTCT GTCTGCAGCA GGGGCAGGCT GCTTTCTTAT CCATTTCCCT GGAGGCGGGC 600  
 CCCCCTGGCA GCAGTATTGG AGGGGCTACA GGCAGCTGGA GAAAGGGGCC CAGCCGCTGA 660  
 CCCACTCACT CAGGACCTCA CTCACTAGCC CCGCTTTGGG CCCCCTCCTG TGACCTCAGG 720  
 GTTTGGCCCA TGGGGCCCTC CCAGGCCCTT GCCCAACTG ATTCTGCCCA GATAATCGTG 780  
 50 TCTCCTGCCT CCACTCAGCT GCTTCTCAGT CATGAATGTG GCCATGGCCC CGGGGTCCCC 840  
 TTGCTGCTGT GGGCTCCCTG TCCCTGGGCA GGAGTGCTGG TGAGGAGGTG GAGCCTTTTG 900  
 AGGGGGGCCT TCCCTCAGCT GTTCCCCAC ACTGGGGGGC TGGGCCCTGC CTCCCCGTTA 960  
 CCCTCCTTCC CTGCAGGCCT GGAGCCTGTA GGGCTGGACT GAGGTTTCAGG TCTCCCCCA1020

GCTGTCTCAC CCCCACTTTG TCCCCACTCT AGAGCAGGGA GGCAGTGGGG GAGGAGTTGT1080  
GTCTCGTCTT CTGTCTCCAT GTGGTTTTTG GGTGTTTTTC TTGTTGTGTC CTGGATTCCG1140  
ATAAAATTAA AGAAATTGCT TCCTCAAAAA AAAAAAAAAA AAA 1183

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 768 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

30 GTTTTTTTTTT TTA CTGCAGA AAATGGGTGG TATTTTCACA TTCATAGTGT TTCTATCCAA 60  
TTTCAGTACC CACATTTAAT GAGGAAAAA TGTTTTACCA ATGAAGGAGG AATTCCTAAA 120  
TTAGCTGTAA TGTTAGGTTG GAGAAAATTT GGTATTTAGG GTATTTTCAA GGTACCATCA 180  
AATCAGATTT CTGTTTTTTT GTTAAAAAAA ATTTTTTTAA TCAGTATTGT TTTTACAAGT 240  
AATATACTTT GAACTCTTG AACTAATAGT CTCAAAAACT CTAGAGGACA GTCTGAGAAC 300  
35 ACGTATTTCT ATTGTTCTAA ATAAATACAT GTTTTTGAAT AGTTCAATCA TGAATTATTG 360  
ACTATGTCTT CATCAAAAGT GTTAATCCCT CTCAGGGTCT CTGGTGAAGA CCTTCAAGAG 420  
TTTGGTTTTT TCTCCCAGGA AATTGGAAGG TAGAATTGTA AATTCATAGA ACTTCTTTTA 480  
TAATGGTGTA CCTCAGCAGC TGCCTTTCAA TTTATGCCAA GTCCTTACAG AGTTTATACT 540  
TGAATAGTAA ATATGTCTT TGAGTTTAC AGTGTCTTAA ACTCAATGCA CATTTTTTTT 600  
40 TCTTCTTTTT CCACCCCTTC TTGTTTGTAG TTCATTATAC CTGTCCCTATT ACAGAACTGA 660  
TTTCCTTCCT GGCTGTACAT GTTGGGGTGC TGGATTTTTT TCCGTGTCTT TAGTCTTCGG 720  
ATACATGTTT TCTTCTTTAG CTTGTGGTGA ATACAGTAAT TTGCATTG 768

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1029 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

```
CCCTGCTGTG AAGTCCTGGC AGGTGTTGGT AATGTGTGGA AATGCAGTCA GCAAGTTTGC 60
TGGGGAGTTT GATAAAAGTA TAAAACAAAA CAAAAAAGC CTCGGTATAA TTTTGTTCCT 120
CGACTTCTTC TGTAGCTTTA CACCAGAAGG AAGGAATGGG CTACAGCAGG TAGTGGAGGA 180
AGAGGGGGGT GAGCAGGTGT ATTAAAATAG CTTACGGGTA AGGCCTAAAA GGTCACCCCT 240
CGGCCCCCTC TCCAAAAGAA GGGCATGGGC ACCCCCAGGA GAGGATGGCC CCAAAAACCT 300
TATTTTTATA CATGAGAGTA AATAAACATA TTTTTTTTAC AAAAATAACT TCTGAATTTA 360
TCAGTGTTTT GCCGTTAAAA ATATTCCTCT ATAGTAAATT ATTTATTGGA AGATGACTTT 420
TTTAAAGCTG CCGTTTGCCT TGGCTTGGTT TCATACACTG ATTTATTTTT CTATGCCAGG 480
CAGTAGAGTC TCTCTGCCTC TGAGGAGCAG GCTACCCGCA TCCCCTCAG CCCCTCCCTA 540
CCCCTCAAGA TTTGATGAAA ATTCCAACCA TGAGGATGGG TGCATCGGGG AAGGGTGAGA 600
AGGAGAGCCT GCCTGCTCAG GGATCCAGGC TCGTAGAGTC ACTCCCTGCC CGTCTCCCAG 660
AGATGCTTCA CCAGCACCTG CCTCTGAGAC CTCGCTCTCT GTTCCAGCAA CCCTGGTTGG 720
GGGGTCAGAC TTGATACACT TTCAGGTTGG GAGTGGACCC ACCCCAGGGC CTGCTGAGGA 780
CAGAGCAGCC AGGCCGTCCT GGCTCACTTT GCAGTTGGCA CTGGGTTGGG GAGGAAGAGA 840
GCTGATGAGT GTGGCTTCCC TGAGCTGGGG TTTCCCTGCT TGTCCAGTTG TGAGCTGTCC 900
TCGGTGTTAC CGAGGCTGTG CCTAGAGAGT GGAGATTTTT GATGAAAGGT GTGCTCGCTC 960
TCTGCGTTCT ATCTTCTCTC TCCTCCTTGT TCCTGCAAAC CACAAGATAA AGGTAGTGGT 1020
GTGTCTCGA 1029
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 736 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:



(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

```
10  ATTCCTGGGT TGAAATATTT TGAGGGGATT GCTTATTATA TTATTTTAGC TGATGAACCT 60
    CAGGACAACG GCTACAGACA CACACATACA TACACGCACA CAAAATCTCA GCTGTTGAAG 120
    AGTGGGCTTG GAATCAGACT TCTGTGTCCA GTAAAAAACT CCTGCACTGA AGTCATTGTG 180
    ACTTGAGTAG TTACAGACTG ATTCCAGTGA ACTTGATCTA ATTTCTTTTG ATCTAATGAA 240
    TGTGTCTGCT TACCTTGTTT CCTTTTAATT GATAAGCTCC AAGTAGTTGC TAATTTTTTG 300
15  ACAACTTTAA ATGAGTTTCA TTCACCTCTT TTACTTAAATG TTTTAAGTAT AGTACCAATA 360
    ATTTCAATTAA CCTGTTCTCA AGTGGTTTAG CTACCATTCT GCCATTTTGA ATTTTTATTT 420
    AATTTTATTT GCTTGAGCAC ACTGATCAAC CACTGAACCTG CCTTCTTCCA TTGTCCTGCA 480
    ATGATATAAG GGTTACATTT TTGTGTATAT GGCTTTCATA GTTGGGATTT CAGAGCACTG 540
    ATACCAGATA TTTTCAGTTT GTTCTCTGGG GGAATTTTCAT TTGCATCTAT GTTTTTAGCT 600
20  ATCTGTGATA ACTTGTTAAA TATTAAAAAAG ATATTTTGCT TCTATTGGAA CATTTGTATA 660
    CTCGCAACTA TATTTCTGTA AACAGCTGCA GTCAAAAATA AAACACTGAA AGTTTTCATT 720
    TTGCAGTGGA AAAAAA 736
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1159 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

```
50  GGACCGTGTG TCGGCCGTGG CGCTGCCCAA GCTGCCCATC TCGCTCACCA ACACCGACCT 60
    CAAGGTGGCC AGCGACACAC AGTTCTACCC TGGCCTCGGG CTGGCCCTGG CCTTCCACGA 120
    CGGCAGCGTC CACATCGTGC ACCGGCTCTC ACTGCAGACC ATGGCCGTCT TCTACAGCTC 180
    CGCGGCCCCG AGGCCTGTGG ATGAGCCGGC CATGAAGCGC CCCCACACCG CGGGCCCCGC 240
```

```

CGTCCACTTA AAGGCTATGC AGCTATCGTG GACGTCACGT GCCCTGGTGG GGATTGACAG 300
CCACGGGAAG CTGAGCGTGC TCCGCCTCTC ACCTTCCATG GGCCACCCGC TGGAGGTGGG 360
GCTGGCGCTG CGGCACCTGC TCTTCCTGCT GGAGTACTGC ATGGTGACCG GCTACGACTG 420
GTGGGACATC CTGCTGCACG TGCAGCCCAG TATGGTACAG AGCCTGGTGG AGAAGCTGCA 480
5 CGAGGAGTAC ACGCGCCAGA CCGCTGCCCT GCAGCAGGTC CTCTCCACCC GGATCCTGGC 540
CATGAAGGCC TCGCTCTGCA AGCTGTGCGC CTGCACGGTG ACCCGCGTGT GCGACTACCA 600
CACCAAGCTC TTCCTCATCG CCATCAGCTC CACCCTGAAG TCGCTGCTGC GCCCCCACTT 660
TCTCAACACG CCTGACAAGA GCCCCGGCGA CCGGCTGACC GAGATCTGCA CCAAGATCAC 720
CGACGTGCGAC ATTGACAAGG TCATGATCAA CCTCAAGACG GAGGAATTTG TGCTGGACAT 780
10 GAACACACTG CAGGGCGCTG CAGCAGCTCT TGCAGTGGGT GGGCGACTTC GTGCTGTACC 840
TGCTGGCCAG CCTACCCAAC CAGGGTTCCC TGCTGAGGCC GGGCCACAGC TTTCTGCGGG 900
ACGGCACCTC GCTGGGCATG CTTGCGGAAT TGATGGTGGT CATCCGCATC TGGGGCCTTC 960
TGAAGCCCAG CTGCCTGCCC GTGTATACGG CCACCTCGGA TACCCAGGAC AGCATGTCCC1020
TGCTCTTCCG CCTGCTCACC AAGCTCTGGA TCTGCTGTCG CGATGAGGGC CCAGCGAGCG1080
15 AGCCGGACGA GCGCTGGTG GATGAATGCT GCCTGCTGCC CAGCCAGCTG CTTATCCCA1140
GCCTGGACTG GCTGCCAGC 1159

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

## 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 690 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

```

AGAGCGGCCG CCCCTCTTTT TTTCTCTTTC TTTTTTTTTT TTTTTCATA TCAGAAATGC 60
ATTTTAATTT TTATTTGAAA ACAACTTAAA TTTTLAGACA AATGATTTTA GTATATAAAT 120
45 TTGCTTTTGT TTTTATACAG AATATAAAGA TTTCCCTCAT TAATCTTCCA TGTGAAGGGT 180
ATTACAAGCC TGGAGGAAGA TACTTTCTGC ACACAAGTAT GTATCTTATG TGTGCAGTAT 240
TGGAAACCAA TGGTGTAGTG CTCCTACACA TAAATGGGGT CAAGTGACAT CACAAATTAA 300
AAGGGGGAAA GAGAAATATT CTAGTTAATC AGATGCAAGA AGCAAACAAG ACGCAAAAAC 360
TGTGCAATA AGACCAAGCC AGTAACTTTA GTTACGACAC TGCAGATTAC ACTGGAATAA 420
50 CAGGTTTGTG AGGCTATAGT GTGCACCACA TTAACACAGC AAGAAAGAGC TATTTATATA 480
GAAAGGCTGG AATGAGGGAT TTTTACTAAA GCAAATTAAC TTCTTGTCAG CTGCCAAAAC 540
AAAACAAAAC TGAGCATATG AGTGTTAGTA TACTGAAGGC ATGTTATACC AGTTTCTGTG 600
CAGCATGCTA AAAGTTAGAA CTTCTTCACT GGTGCTTATC AATCATTAAAT AGTCACGTTT 660

```

TTGCCCCCTTC TTGCCAAATT TCGAGGCATG

690

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1186 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```
ACCATAGATT TATTTTAAAA GGGAAATCT CACACATAAT TAAGCAGTGG AAAATGTGCT 60
CAATGCTATG GTGCGTCAGG CCCTCTGTCT ACCAGGTTTC TCCCGCTTTC TGCAGAGCTG 120
30 TGGACCCCTGT ACGTACCAAA CAGGTGAACT TGGTCCATCT TTCCTTCTTC CTTTTTTTGC 180
ACATTTGCAT TTATATCTTC CTGTACTAAA AGAAACAAAT TATTTATAAT TGGGGTGACA 240
ATATAAAGGA ACAAAGATG GGGCAATAGT TGCTTCCTAG CTGGAGCTGT AAGTCCATGT 300
TACAGAACT CACTATTTAA AAAGTTTTAA AAGATTTATG AACCTTGTC TACAATTCGC 360
TGAATACTTA TTTGTCTTTT AAACCTCCCT CGGTGTATGG ATCATCTTCG TCAGAATGCC 420
35 GTTGTTCAT TGTGAATCAG GGGAAATGT TAATCATTTG GAGACTGTTT TCTTATTACC 480
AAATGTACAA TCCATAAGAC AACTGAAAGC AACAACCTGCT GGGTTCCTG ACAAAGATTA 540
TAAAATCAT CACGTTCAAA GTAGAGTTTT TAGCCAAGGT CAAGAATAA CCTGGGGCTG 600
AGTCAGCGTC TCTACCCACT TAAATAACAG CGTAAAGATC TTCACTAAA TTCGTTATGT 660
GGTCTGTCTG GATGTAAACC TATATATTTT CTTTTGAAAC AGAATCATAT CCTGCAGACT 720
40 CTTGGCACTC CTGCATAGCT TTGACCGAAT GTTCACTCTC ATCGTAATGG AAGATTTCTA 780
TCTATGCAGA TAATACATGT TTTTAAATAC TGTTTTCTGT TTAGTCCTCA ATCTTCCTAA 840
CTCAAATTGG GGACTGAGGA GAGAGAAAGG TGTTACCCC TGTTACCGTG CCATATTCTT 900
CTTGCTGCTT TTCAACCCCA CGTGATTGTT GATTGACGGT TCTGCTATAA TGTGCGTGCC 960
CTTCAAGTTT CAGAAAACCT TCCCAATCAT TTCACTTCAA TCTTAATTGA ACCCAAGAGT 1020
45 CAAAGTTATT ATTTTCTCCG AACGTGTTTG TGATCTTCTG TTATATTTTG GGGCATGTTA 1080
CCTTTATGGT ATATAAGCTG TAGTGCATAC TCTTTGTATT GCAAAAACT GGTGAGTAAT 1140
TTATGTACAT GTATTCCACA TTTTAGTGTG CTTGAAGTGA CAATCC 1186
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1029 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

```
GGGAGAAGGA GGAGGCCGGG GGAAGGAGGA GACAGGAGGA GGAGGGACCA CGGGGTGGAG 60
GGGAGATAGA CCCAGCCCAG AGCTCTGAGT GGTTCCTGT TGCCTGTCTC TAAACCCCTC 120
CACATTCCCG CGGTCCCTCA GACTGCCCCG AGAGCGCGCT CTGCCTGCCG CCTGCCTGCC 180
25 TGCCACTGAG GGTTCCCAGC ACCATGAGGG CCTGGATCTT CTTTCTCCTT TGCCTGGCCG 240
GGAGGGCCTT GGCAGCCCCC CAGCAAGAAG CCCTGCCTGA TGAGACAGAG GTGGTGGAAG 300
AAACTGTGGC AGAGGTGACT GAGGTATCTG TGGGAGCTAA TCCTGTCCAG GTGGAAGTAG 360
GAGAATTTGA TGATGGTGCA GAGGAAACCG AAGAGGAGGT GGTGGCGGAA AATCCCTGCC 420
AGAACCACCA CTGCAAAACAC GGCAAGGTGT GCGAGCTGGA TGAGAACAAC ACCCCCATGT 480
30 GCGTGTGCCA GGACCCACC AGCTGCCCAG CCCCATTGG CGAGTTTGAG AAGGTGTGCA 540
GCAATGACAA CAAGACCTC GACTCTTCCT GCCACTTCTT TGCCACAAAG TGCACCCTGG 600
AGGGCACCAA GAAGGGCCAC AAGCTCCACC TGGACTACAT CGGGCCTTGC AAATACATCC 660
CCCCTTGCCT GGACTCTGAG CTGACCGAAT TCCCCCTGCG CATGCGGGAC TGGCTCAAGA 720
ACGTCTGGT CACCCTGTAT GAGAGGGATG AGGACAACAA CCTTCTGACT GAGNAAGCAG 780
35 AAGCTGCGGG TGAAGAAGAT CCATGAGAAT GAGAAGCGCC TGGAGGCAGG AGACCACCCC 840
GTGGAGCTGC TGGCCCGGGA CTCGAGAAG AACTATAACA TGTACATCTT CCCTGTACAC 900
TGGCAGTTCG GCCAGCTGGA CCAGCACCCC ATTGACGGGT ACCTCTCCCA CACCGAGCTG 960
GCTCCACTGC GTGCTCCCCT CATCCCCATG GAGCATTGCA CCACCCGGTT TTTCGAGACC1020
40 GTGACCTGG 1029
```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 985 Basenpaare  
45 (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

15	ATCACTCTTT CTCAGCTCGA CTGGAGTTTC TGCACCTTTG CAGGGGCAAA GTAAGTCCCT	60
	GCACCCTGAA CCACCCCCCA TTCCTGTTCA TTTCAGCAGA TAATGATGGA GGGGGGGGGG	120
	TGTCCATCGT GCTGAGGGTG TGACCGCAAG AGGGTGAAAA CTTCCAGCCA ACTTTCTCAG	180
	TCCTTTCTCT TGCGAGAGGG AAGCCACCTG CTATACAAAC TAATACCCCC TGCCTTGACC	240
	CCTTCCCCAC GACTCAGTTG ACAGAAGGAT ATACTTTGTT ATAAC TTATT ATTTTGTCT	300
	CTGTAAATAC AAGATGTTTA TAGGAAATAT GTATTCTGAA CTCTATCTGC AGAATGAGTC	360
20	ACTACACCAA AATAGTTCTA TTATTTAGAA TGTGTTAATT TTAAAGGGAC CTGATAGGTA	420
	TTTATTTACA TATGCGATCC ACATTTGTGT GAAAGCATGT GATCATACTA ACCCAGCCTC	480
	CTGGAATGTC GCTGTACGAT GATTGATGTC TTTTCTCAG TCCATAGTTA CAATTGTTA	540
	GTATGCTAAT CAGTCCAGTT CCCTGAGGTT TAAGATCAAA TATAAATTAC TCTGCTTTTC	600
	GACTCATTCA GGTAGCATTG TACCTGAACC TGATTGCTAC TTTTTCATCT TAAATATTAT	660
25	ATTTCCTCAT CTAATCTGCC TTCCCTCAT CCACAGACAT TTGGAGAAGG AAATGGGAGG	720
	GTGTCTGTTA TCCCTTTCTC TTTGCTTTGT CCCC GTTGTT AGACTGGCAG CGTCAGTTGC	780
	TCGGTGGGCT TGGTTAGAGC CGTGGGTGAG GCAGGTGGCT GGCGGGGACA GGGAGAGGCT	840
	GAGAGGGAAG TGGTGGCATT TACTGCTCTG ACACTTCCAC TGTCCCTGCT GGGGATGCTG	900
	GGGCCAAGGC CTGTGGGGCC TGTGAACTGC ACAGCCAGGA GCAAGGAACC CACTAAATAC	960
30	TCCGTCAC TG CATGTCCCCT CTACA	985

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 622 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

5  
ATGTTTTTCA TTTTTCAT GTTATCTATC CAAGCACTGT TCCATGGTCA GCAAGTCATA 60  
TTTCATAATG TGGATTTTCC AAAATAATTA TTGAATACAG CTATTCTATG GCTACTTTTA 120  
GTGTTTTTGT GGTATGTGGT GTGGGAGTGT TTATGGAATT ACCAGTATCT TAAATTTTCA 180  
AAGGAACCTT GGAAGTCTAT CACTCTAAAT GAAAGTCTGT CACTCTACAT GAATTATGTG 240  
10 CTCAAATTTG ACCAACTCAG TTTAAGACAC AAAACAGTAA TTTGAAGAAG GAAAAATGAA 300  
GAGAGTTTCT AGTTTAATGG GTTAAATTTT TGTGTTGCA ATAGTAAGTT TAGTCTTCTT 360  
ATAATATTTT TAAATGAAAA ATCATAGGTA TTTGTTACCA TGTGTGAAGA TTACTTTGTT 420  
AAAAGCAAAA GTGGTCGTGT GATATGCTAA ATGTTAATTA CTGATTTTAT ATGTTTAAAT 480  
CACGCCAAAC AAATTATGTC TGTGCCATCC AGGGTCTGTT GTTAATCTTT TTCTGAGTAC 540  
15 TTGGATTGGG ATAAAGGGCT TGTACTATGC ACTTTTTATT AATGAATAAA TAGAAAACGT 600  
TAGTAACAAA AAAAAAAAAA AN 622

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

## 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1129 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

GATTTTTATC TAGAACTAT ATTTACTTAA ACCCCCCTCA GGAAAGAGGT TTTAAAATCA 60  
AAGATGGGAA AATCGGAGAA AATTGCCCTT CCCCATGGCC AGCTTGTTCA TGGTATACAC 120  
45 TTGTATGAGC AACCAGAGAT AAACAGACAG AAAAGCAAAT ATAAGTTGCC ACTAACCAAG 180  
ATCACCTCTG CAAAAAGAAA TGAAAACAAC TTTTGGCAGG ATTCTGTTTC ATCTGACAGA 240  
ATTCAGAAGC AGGAAAAAAA GCCTTTTAAA AATACCGAGA ACATTAAAAA TTCGCATTTG 300  
AAGAAATCAG CATTTCTAAC TGAAGTGAGC CAAAAGGAAA ATTATGCTGG GGCAAAGTTT 360  
AGTGATCCAC CTTCTCCTAG TGTCTTCCA AAGCCTCCTA GTCAGTGGAT GGGAGCACT 420  
50 GTTGAAATTT CCAACCAAAA CAGGGAGCTG ATGGCAGTAC ACTTAAAAAC GCTCCTCAA 480  
GTTCAAATTT AGATTTTCTG TTTCAAGTATG TGTGTAACAA ATAATTTTTC CCATATCCCT 540  
GGACTCTTGA GAAAATTGGT ACAGAAATGG AAATTTGCCT TGTGCAACA TACAATTGCA 600  
AAAGATGAGT TTAAAAAATT ACATACAAAC AGCTTGTATT ATATTTTATA TTTTGTAAT 660

ACTGTATACC ATGTATTATG TGTATATTGT TCATACTTGA GAGGTATATT ATAGTTTTGT 720  
 TATGAAAGTA TGTATTTTGC CCTGCCACACA TTGCAGGTGT TTTGTATATA TACAATGGAT 780  
 AAATTTTAAAG TGTGTGCTAA GGCACATGGA AGACCGATTT TATTTGCACA AGGTACTGAG 840  
 ATTTTTTTTCA AGAAACAGCT GTCAAATCTC AAGGTGAAGA TCTAAATGTG AACAGTTTAC 900  
 5 TAATGCACTA CTGAAGTTTA AATCTGTGGC ACAATCAATG TAAGCATGGG GTTTGTTTCT 960  
 CTAAATTGAT TTGTAATCTG AAATTACTGA ACAACTCCTA TTCCCATTTT TGCTAAACTC1020  
 AATTTCTGGT TTTGGTATAT ATCCATTCCA GCTTAATGCC TCTAATTTTA ATGCCAACAA1080  
 AATTGGTTGT AATCAAATTT TAAATAATA ATAATTGGGG CCCCCCCTT 1129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 877 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

CACACTGAGG GTTTTTAACA CCATTCTCCC CCACTTCTCT CCTGGGTGAC ATAAGAGAGA 60  
 AATAACCTGT AGTACAGCAG CTAAAGTATT CTCCTTTCAG AGAATTTTTT TGGAGGTCTC 120  
 TAATATATAT TTCCCCCTTG TCTCTGTGAT CTCTTATTTA TACTATATTA TTGTCCCATG 180  
 TACTTTCTAA ACTGAGCTTG GAACATTTAG TATTCCTGCA ATTGGACTTC CCACTTAACA 240  
 ATTATACAGA CTTTGCTTTT AGAAATAGAT TAGGTTCCAA ACAGAAAGTT CAAGTGTAAC 300  
 40 AACACAATA AAAATAGATT ATGAAACAGG CTATAATTGG CTCTTTTGGA TTTGATAGGG 360  
 GCAAGATGAA AGGCAACTTT CTTGCTTTTG AAATCATGTT GGGTAAGAGG TAAGGAATCC 420  
 AGCTACAATT TTATTAGTGC TTGAAACGGG CTTCTTGAA TTCTCCAGGC CCTATCATTT 480  
 TTTTCTTCT TACTAATCAG AAGAGAGCTG GGGTAGAAGC CCCATGTTTG TATTCCATGA 540  
 AACACGTCGG GTTGAGTAA AGGCAAAAC AGCTAGACAC ACCAGGTGTG TCTGTTTGAC 600  
 45 ATTTATAAGC TGGCACTCAT CAACACTCCT GTTTCTCCTT TCTCTGGGAC GTGTGGATTA 660  
 AGGGGTGTGA GTTGTGGGAA GAATTGCCCT CGTACCTCCT GGATTTATTA TTTTCTCAA 720  
 ATACCAACCA GTAAGATCCC AAATAACTTG AGAAAAATTG TTTCTGATC TGTCCACTTC 780  
 TGGTGCAAA GATTTTACTC ATCTTCTTAG TACATTCTAT GTATTTTATA TGTATAATTT 840  
 TATACAATTA AAAATAGATT TTTGTCTAGT GAAAAAA 877

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1329 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

```
GTCGGGGAGC GCGGGGCCCG GGGCCAGGGG ACCCCGGGCC ACGGAGAGCG GGAAGAGGAT 60
GGATTGCCCC GCCCTCCCCC CCGGATGGAA GAAGGAGGAA GTGATCCGAA AATCTGGGCT 120
AAGTGCTGGC AAGAGCGATG TCTACTACTT CAGTCCAAGT GGTAAGAAGT TCAGAAGCAA 180
GCCTCAGTTG GCAAGGTACC TGGGAAATAC TGTTGATCTC AGCAGTTTTG ACTTCAGAAC 240
TGGAAGATG ATGCCTAGTA AATTACAGAA GAACAAACAG AGACTGCGAA ACGATCCTCT 300
CAATCAAAAT AAGGGTAAAC CAGACTTGAA TACAACATTG CCAATTAGAC AAACAGCATC 360
AATTTTCAAA CAACCGGTAA CCAAAGTCAC AAATCATCCT AGTAATAAAG TGAAATCAGA 420
CCCACAACGA ATGAATGAAC AGCCACGTCA GCTTTTCTGG GAGAAGAGGC TACAAGGACT 480
TAGTGATCAT GATGTAACAG AACAAATTAT AAAAACCATG GAACTACCCA AAGGTCTTCA 540
AGGAGTTGGT CCAGGTAGCA ATGATGAGAC CCTTTTATCT GCTGTTGCCA GTGCTTTGCA 600
CACAAGCTCT GCGCCAATCA CAGGGCAAGT CTCCGCTGCT GTGGAAAAGA ACCCTGCTGT 660
TTGGCTTAAC ACATCTCAAC CCCTCTGCAA AGCTTTTATT GTCACAGATG AAGACATCAG 720
GAAACAGGAA GAGCGAGTAC AGCAAGTACG CAAGAAATTG GAAGAAGCAC TGATGGCAGA 780
CATCTTGTCG CGAGCTGCTG ATACAGAAGA GATGGATATT GAAATGGACA GTGGAGATGA 840
AGCCTAAGAA TATGATCAGG TAACTTTTCA CCGACTTTCC CCAAGAGAAA ATTCCTAGAA 900
ATTGAACAAA AATGTTTCCA CTGGCTTTTG CCTGTAAGAA AAAAAATGTA CCCGAGCACA 960
TAGAGCTTTT TAATAGCACT AACCAATGCC TTTTATAGATG TATTTTGTAT GTATATATCT 1020
ATTATTCAAA AAATCATGTT TATTTTGAGT CCTAGGACTT AAAATTAGTC TTTTGTAAATA 1080
TCAAGCAGGA CCCTAAGATG AAGCTGAGCT TTTGATGCCA GGTGCAATCT ACTGGAAATG 1140
TAGCACTTAC GTAAAACATT TGTTTCCCCC ACAGTTTTTA TAAGAACAGA TCAGGAATTC 1200
TAAATAAATT TCCCAGTTAA AGATTATTGT GACTTCACTG TATATAAACA TATTTTATA 1260
CTTTATTGAA AGGGGACACC TGTACATTCT TCCATCATCA CTGTAAAGAC AAATAAATGA 1320
TTATATTCA
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 697 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60:

20	GTAGGCGCTA	GTCTGGGCGC	AGAGGTTTCT	GGGAGCCAAG	AGTGGTAATG	GCGTCTGTAT	60
	GATCTTCGGA	GCCTGCTGCA	TCGGACCTCG	GCCAGTCATA	AAAGATGACA	ACAGCAGCCA	120
	GGCCAACCTT	TGAACCTGCC	AGAGGTGGAA	GGGGAAAAGG	AGAAGGTGAT	TTGAGCCAAC	180
	TTTCAAAGCA	GTATTCAAGC	AGAGACCTAC	CCTCTCATAC	AAAGATAAAA	TACAGACAGA	240
	CTACTCAGGA	TGCCCCTGAA	GAGGTTTCGT	ACCGTGACTT	CAGGAGAGAG	TTGGAAGAAA	300
	GAGAGAGAGC	TGCTGCAAGA	GAGAAAAATA	GGGATCGTCC	AACCCGAGAA	CATACAACTT	360
25	CCTCTTCAGT	GTCAAAAAAG	CCACGGTTAG	ACCAGATTCC	TGCCGCCAAC	CTTGATGCAG	420
	ATGACCTCT	AACAGATGAG	GAAGATGAAG	ATTTTGAAGA	AGAAAGTGAT	GATGATGATA	480
	CTGCAGCTCT	TCTTGACAGAA	CTGGAAAAAA	TTAAAAAAGA	AAGAGCTGAA	AAGGGCCAAG	540
	GCCAGGGGAA	GGGACCAAGG	GCCAAAAAAG	CTTTAAGGGG	GGGAAGGGTT	TCGTTTGGG	600
	AAAACATTGG	TTGGGCGGGA	AACCCTTTCC	CTTTAATCTT	GAGCTTGGCC	CATTCCAAGC	660
30	TTAAGGCCGA	CTTTGAAAAG	TTTGAAAGGA	GGGTGGG			697

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 1389 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61:

5  
CGAAGAATAG AATTGGCCAG GACCTAGGTT CTCATATTCT TGGTATTCCT CCTGGATGGA 60  
AAGGCTGTTG GCATCAATAG GGGACAGAGG CTGATGCTGG AGTGGCCAGT AGAGGTGGTG 120  
GAGCAGAGCA GCCATCTTTT AAGTGGGGCT GTATCAGGCT GGGTTTATTT AAAAGCAACA 180  
AAATGTTTTG GTTAAGAAAA TTATTTTGCT TTCAGTGTA ATCTTCGCAG TGTTCTAAAC 240  
10 AAAGTTCAGT CTTCTGCTCG CCCCTTTCCC TCACTGATGT CTGCACTTGG TTGAGGTCTC 300  
CTGGAGCCTC ACAGGCTCTG CTGTTCTCCA CTTCTCACCT GCCATCCACG CCCTGCAAGC 360  
TCATGCAAAC ACCCTTTCTT CCTCCTGCGG CAGAGTTGTT CAGGTTGCCT GGGCAGGGGC 420  
TTAAACAGTG CCAGCCCCTG CCATCCCAAA GCTATTGTTA AGCCCCCAG GCGTCCTCCA 480  
CCCACGCCCA CTAGCCTGCC ATGTCCACAG TTCCTTGGGC TGCTGAGGGG CTAGTGCAGT 540  
15 GGTCTGACC TCTCTTATCA AGAGCACACT TCTTTGCTGG TTGCTCCTTT TGAGCATATG 600  
CGTGTGATTA TTTGGAACAG TTAGACTTGC CACGTTGGGT CAGTTTTAGA AATTGTTTCT 660  
AGCTAGAGGG ACTGGTGTCC TTCCAAGTCT AGCATTGTTG GTATGGAAAA TTGTTGTGGT 720  
GTGTGGTAGG GTTTTTGTTT TCTTTTTTGA GTTTTTTTTC CCCCTTTAGT CTCCTGGCTT 780  
TTTCCTTTCC CTTCCCTTCT CCACTGGCCN AGCTTGGGCC TCATCCTCAT GTCATCCTTC 840  
20 TAGGAAGGCG CCTGCCCCAT CTTGTCTGCC GGCAGCATGC ATCCAAGGCC AGAGCTCAGG 900  
CCTGCAGACT GGGCTGGTGC CTCCTCCGCT TCAGGGTATG GGAGTTGGTG AAGGGGCTTT 960  
CAAAAAATAA TAAGAAAAAA AAGGTAAAGT CTTTGGTAGC TTCTATCCAC TCAGATCCTG1020  
GAAGGCAGCA AGGTTTTGTG GATCTAGATT CATTAGGAAT GTCTTCTTGT CAGCCAGGCC1080  
AGGACCCGGG CTTGCCAAGA GCAGAGGCC TCCCAGCAAC CAGGATACCA CCACTTTGGG1140  
25 GGCTTTGTGT ACAGAGGTCC GGGTCTGAGA CCTCATAGGC TGCAGAAATC TGGGGCAGCC1200  
ACCATCAAGA AGCCCCTCTC AGGGGCCAGA ACTCCTTTGC CAGCGTGGAT TTCTCAAGTC1260  
GGGACTGCAT AATTAAAGCA GTTGCAGTTT TATTTTTTTT ACAGCTTTTT TCCCAAAAAT1320  
GATTTGTAGT TGTGTGTGCA GCACTTCGCC CTGATATGTG TGCTCTACAA TAAAAACCA1380  
ATCTAATAT 1389

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 535 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62:

5 TGTATTGAGG TAATAAATTG TTTTACTGAC AATTTTTCCT TTTTCTACAC TAAAACAATA 60  
TGTGATATAT TTCCCCTCTT GAAGAGGCAA TTCATTAAAC TCTCAAATTT TCTATAGAAT 120  
CAAGATAGAA CCTTTAGATA CTCCAACCTCA CCAAAATGTA AAAAACTAA CAAAAATATT 180  
TGGTCTTCAA TAATGCTAAA TATCTACATT TTTAGAATTT ATCAACATTT AACTAGATAA 240  
TTGGGCATGT CTTAATTATG CATGTACTTA TCCATACTAA TAAAATTGAC AATGCTAGTG 300  
CATACTTATT GGGTTAGTCC TATTATCAGG ATATAATCAT CTGTGAGGAG GATATTTTAA 360  
ATACTGTAAA TGATAACAGT TAATGATATA CACATTTAGA CTGAGTTGCA CACTGGCAGG 420  
10 GAGACCAAAA ACATTACTTC CATACTTGTTG TCATGATTCT TTTTTTTTGG AGAGAGTCTC 480  
ACTCTGTCGC CAGGCTGGGA GTACAGTGGC ATGATCTCGG CTCCTGCAA CCTCT 535

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1098 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63:

40 GTGATTTGAC ATTTGAACAA ATTAGGAAGC TGAATCCTGC AGCAAACCAC AGACTCAGGA 60  
ATGATTTCCC TGATGAAAAG ATCCCTACCC TAAGGGAAGC TGTTGCAGAG TGCCTAAACC 120  
ATAACCTCAC AATCTTCTTT GATGTCAAAG GCCATGCACA CAAGGCTACT GAGGCTCTAA 180  
AGAAAATGTA TATGGAATTT CCTCAACTGT ATAATAATAG TGTGGTCTGT TCTTTCTTGC 240  
CAGAAGTTAT CTACAAGATG AGACAAACAG ATCGGGATGT AATAACAGCA TTAACCTACA 300  
GACCTTGGAG CCTAAGCCAT ACAGGAGATG GGAAACCACG CTATGATACT TTCTGGAAAC 360  
ATTTTATATT TGTTATGATG GACATTTTGC TCGATTGGAG CATGCATAAT ATCTTGTGGT 420  
45 ACCTGTGTGG AATTTTCAGCT TTCCTCATGC AAAAGGATTT TGTATCCCCG GCCTACTTGA 480  
AGAAGTGGTC AGCTAAAGGA ATCCAGGTG TTGGTTGGAC TGTTAATACC TTTGATGAAA 540  
AGAGTTACTA CGAATCCCCT CTTGGTTCCA GCTATATCAC TGACAGCATG GTAGAAGACT 600  
GCGAACCTCA CTCTAGACT TTCACGGTGG GACGAAACGG GTTCAGAAAC TGCCAGGGGC 660  
CTCATACAGG GATATCAAAA TACCCTTTGT GCTAGCCCAG GCCCTGGGGA ATCAGGTGAC 720  
50 TCACACAAAT GCAATAGTTG GTCACATGCAT TTTTACCTGA ACCAAAGCTA AACCCGGTGT 780  
TGCCACCATG CACCATGGCA TGCCAGAGTT CAACACTGTT GCTCTTGAAA ATCTGGGTCT 840  
GAAAAACGC ACAAGAGCCC CTGCCCTGCC CTAGCTGAGG CACACAGGGA GACCCAGTGA 900  
GGATAAGCAC AGATTGAATT GTACAATTG CAGATGCAGA TGTAATGCA TGGGACATGC 960

ATGATAACTC AGAGTTGACA TTTTAAACT TGCCACACTT ATTTCAAATA TTTGTACTCA1020  
GCTATGTTAA CATGTACTGT AGACATCAA CTTGTGGCCA TACTAATAAA ATTAATAAAA1080  
GGAGCACTAA AGGAAAA 1098

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1860 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64:

30 TAAGATCCTG ACTCTGAAGC TTCAAAGTGA CACTGTGGAA ATCTGAAACG AGGGGATGTC 60  
ATGAAGGCAG CTTTTCTTTT TCTGAGGAAA AAATAGGCAT GGGCTACAGG ACTATTTAAA 120  
ATGTCTCATT TACAGTATAA AACTCAAAGG TAGATGTAAT TTTTACACCT ATGAGTATTT 180  
GTCCAATTTT TGTCTCTTCC TCACCATTGG GTATCTATTC TTTATATGTA AATAAGATAA 240  
GGTCATCTGA TAGCCTTATT CAGTCTTCAT CATTTTCATC ATTGTTCCCTA TG TAGATTAT 300  
35 TGGACATTTA TTGTAGCACT ACATAACTGA TTATAAAAAAT CTGTAAATGA ATTAGCACTT 360  
TCATATTGAA ACAAGCCTGC TAGCCTATGT ATAAAAATAGC AAAATGTTTG CTGTTTATAA 420  
AAAGATGTAA TGGGGTGGGG GGCAGGGGTA ATTTCAAGTT ATTAATTTAA AAATGAACATA 480  
GCAATTTTGT ACCTGGTGAC TTTGTGGTGC ACTCACCTCT GATAGTGACT TGAATTCGGT 540  
ATGTAAAAAG GGGTTAGTGG TATTTTCATTG CTGCTAAAAA TGACAACTCC CTCTGTGTCC 600  
40 TGTTTTCTT AAAGCTGTCA GTGTACAAGT GGGTATTTGA ATACCAGACC TTACTGTAAA 660  
AAATAAAAAA GGTGGTATCT AGAGCATGTA AATTGGATAT AAAGTTCTGC TCTTAAAGAG 720  
TTGATCTAAG AGTATGGCTA AACATCTATA TATGCAATCT ATTAAGAGAA CTTAATTCGG 780  
CTATTATGTC TTGATTTGAT TGCAGTTTTT TCCTAATTAT AACAAATTTT TCCTCATTGG 840  
CCTGTTTTTA ATCCTGTGCC TAGAAGGAGT ACAAATGCA CACTTTACAA AATTGATATT 900  
45 TAACACTTAC CCACTCCCCT TTCCCCTAT CTTCTACCGC TCTTGTGAT CGTGGTATCT 960  
GATCTTGACT AGATAGGCTG AAGGCACATG GTTCCCTCCA AAAACCACTA TTGATACCAC1020  
TACAAAAACA AGCCAGCAAA AAGATACTGT AGAGAGGTTG GCTTGCTTCC CTCTCTTCT1080  
AACTGCATGT TGAAAAATAA GCCGTTATTG ATCTTAAACA TCGGTCAGAT GAGTCATACA1140  
TTGGGTTATT TTTTATATAC ATGTATACAC AAAATATTTT AAATTGAAAG CAACATCTTA1200  
50 ATGGATTCAA AACTATTACA AGCTGTTGTC TAAAACAGGT GAGAAAAAAA TTTATAACTG1260  
TAAAAACAAA TGCACATATT GATATTTAAA ATGCGTAATT AAGAAAACCC ATTGTTGTTG1320  
TGTTTTCTT GTATACCAAT AATTAAGCCA CTACTGTTGG CACTGTTTGG TTTTCTATTT1380  
TAACACTGAA GGAGTGAAAG TATTTCTAT ATTTATGAAT TTACTACTAA AATCTTGGCA1440

AAAAAAGAAA AAAATTGTCT AACGTGTGTG GGTGAAACT GTTAATCAAG TGTTTCTACT1500  
CCCCCCGAA AATCCCTGA AAGTTGGACA CCAACTGTAT ACCCTAGGTT GCTTAAAGGG1560  
ATTTCACTAT TATATAAGT CAATAAAAT GAAAGTAGTTG TATATATGCA ACATTGTGTA1620  
CAGAGGGGAA ATAATGAATA GTATTAAAGA AACATTCTCG TCTTCCTTTA CCTTTAATCC1680  
5 CCTAATACCT AGTCTACTTT TTAAATTTTC AGACTTCACT GCTTTTTGAA TTCATAATTC1740  
TAATTTTCAC ATTATTGTTA ATGGAAAATC ATATCTAATA AAGGTTTTAG TTATTCCCAT1800  
GCACAGTATG AAAATTCTCA TTTGCTGAGG TTTTGTTTCA AGAAAATGTA TTGGCATGTC1860

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

30 CRTWSILRGR MWLSTNSAAD AINPWPGRSS RPRSRAAVPH RLLHLPPVCA ELQGQQFYSL 60  
EGAPYCEGCY TDTLEKCNCT CEPITDRMLR ATGKAYHPHC FTCVVCARPL EGTSFIVDQA 120  
NRPHCVPDYH KQYAPRCSVC SEPIMPEPGR DETVRVVALD KNFHMKCYKC EDCGKPLSIE 180  
ADDNGCFPLD GHVLCRKCHT ARAQT 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

35 (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

50

AARALKRPFP SGPPLRDRSP SLESQSRKTP RLPEDLASGK KDYTFQRPLR RRDRKRRASR 60

VSLRVDPSDH GPGGVVADEV PHQKCGWGR RLPGVPRGAA GAQRQEPGSP TEGWGGGPPR120  
HVPVQPVRS ADRPADTPAP SPSKDLSHP 150

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

LLECRHHDGD VSSVGGPLQG PRVLQGG LGV CEGAHQVASQ QGRLPRPERA GLPLT 55

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

SVHFPAALRC ETAALLWSLR AARHHSQRT LRRARKTTPS RGLCGAATGS GGRAECPCAW 60  
IRATMVARVW SLMRFLIKGS VAGGAVYLVY DQELLGPS DK SQAALQKAGE VVPPAMYQFS120  
45 QYVCQQTGLQ IPQLPAPPKI YFPIRD SWNA GIMTVMSALS VAPSKAREYS KEGWEYVKAR180  
TK 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

50 (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

15

PEDSGLGPHS EGRPPDCRPN KGLQK

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

20

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

DEKNTSFLYS DVGATSMKSV LYESYTKMGR HLVNCARYLK CMFRKAFYQL RNMTYF 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

40

(A) LÄNGE: 291 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

LERLVDIKKG NTL LLQHLKR IISDLCKLYN LPQHPDVEML DQPLPAEQCT QEDVSSEDED 60  
EEMPEDTEDL DHYEMKEEEP AEGKKSEDDG IGKENLAILE KIKKNQRQDY LNGAVSGSVQ120  
10 ATDRMLKELR DIYRSQSFKG GNYAVELVND SLYDWNVKLL KVDQDSALHN DLQILKEKEG180  
ADFILLNFSF KDNFPFDPPF VRVSPVL SG GYVLGGGAIC MELLTKQGS SAYSIESVIM240  
QISATLVKGK ARVQFGANKS QYSLTRAQQS YKSLVQIHEK NGWYTPPKED G 291

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(A) LÄNGE: 253 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

RSVVRCLKM AAEEPQQQKQ EPLGSDSEGV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSR 60  
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSL EALLDDSKEL120  
35 QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180  
VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240  
QVEYMDRGEG GTT 253

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

EKFLNMGAPL GVGLGLVFVS SIGIYVSSTY PPVAGATLYS VAMYGGLVLF SMFLLYDTQK 60  
VIKRAEVSPM YGVQKYDPIN SMLSIYMDTL NIFMRVATML ATGGNRKK 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

MHRDSCPLDC KVVYVGNLGN GNKTELERAF GYYGPLRSVW VARNPPGFAF VEFEDPRDAA 60  
DAVRELDGRT LCGCRVRVEL SNGEKRSRNR GPPPSWGRRP RDDYRRRSPP PRRRSPPRRS 120  
FSRSRSRSLs RDRRRERSLS RERNHKPSRS FSRsRSRSRS NERK 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

EAALTLCHELL SSWVSLESIT LSYNGLGSNI FRLLDSLRLAL SGQAGCRLRA LHLSDLFSPL 60  
PILELTRAIV RALPLLRLVS IRVDHPSQRD NPGVPGNAGP PSHIIGDEEI PENCLEQLEM120  
XISTGSPASP TAVLRSEGLG FSAAAVPG 148

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

10

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

25

EDGADGAFYP DEIQRPPVRV PSWGLEDNVV CSQPARNFESR PDGLEDSEDS KEDENVPTAP 60  
DPPSQHLRGH GTGFCFDSSF DVHKKCPLCE LMFFPNYDQS KFEEHVESHV KVCPMCSEQF 120  
PPDYDQQVFE RHVQTHFDQN VLNFD 145

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(A) LÄNGE: 282 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

50

DKSSACRRNG NYSDEKKDAM YWEKRRKNE AAKRSREKRR LNDLVLENKL IALGEENATL 60  
KAELLSLKLK FGLISSTAYA QEIQKLSNST AVYFQDYQTS KSNVSSFVDE HEPSMVSSSC120  
ISVIKHSPQS SLSDVSEVSS VEHTQESSVQ GSCRSPENKF QIIKQEPMEL ESYTREPRDD180  
RGSYTASIYQ NYMGNSFSGY SHSPPLLQVN RSSNSPRTS ETDDGVVGKS SDGEDEQQVP240

KGPIHSPVEL KHVHATVVKV PEVNSSALPH KLRIKAKAMQ IK

282

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- 5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

20

MASLGHILVF CVGLLTMAKA ESPKEHDPFT YDYQSLQIGG LVIAGILFIL GILIVLSRRC 60  
RCKFNQQORT GEPDEEEGTF RSSIRRLSTR RR 92

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

- (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

WTGTGRGAVA IMADPDPRYP RSSIEDDFNY GSSVASATVH IRMAFLRKVY SILSLQVLLT 60  
TVTSTVFLYF ESVRTFVHES PALILLFALG SLGLIFALT LNRHKYPLNLY LLFGFTLLEA 120  
45 LTVAVVVISM MYILSASFHT 140

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- 50 (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

15 FFPLLLPLHT PVAGRNLGFP ESLGVPPFLP HPGGTTPRPG LFLLLFSFWA V 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

20 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

FFLYSFPFTP PWLEGTSASL KAWGSHPSYP TREERPGPRA CFSSCFPGQ FDH 53

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

PLDCATFVFV FLNFFKPRMI SPASFSSPSS QTEFKGHFSS SEWHLQPQSG IF

52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

PFSSSVSFFG TAPSCLEGG ILVCALDRYR INTCALRTGS PRFIQSAHYR KLLCQNPQGD 60  
PTPGSPSSLL TSTRAVLLFF ILLFYCFCCG HYHWQSSFSP FLDIGVLSLK DSTLRLKVPK120  
AA 122

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

LFFCFLFWD CAIMFIRRLD FGVCSRQIQN KYLRLENRKS TIHTKCSLQE VAVSKSRQGP 60  
NSGQPLLPAD LNKGCAIVFY FIILLLLLWS LSLAKFLFPF PGHRGPVFKR FHSEAEGAKS120  
CLRSL 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

IDFEGKERGK GQGRDTPPLP LSWAQKLGGG RERIFTFFKL LFSEWNKLGQ GAQALSSVPH 60  
TPLLRSFIQK NIS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

ILRGRREGRV RVETPLPCPF PGPRSWGEGG KGFLHFLNCY FLNGTSWAKG PRPCPLSLTP 60  
LCSVHSFKKT FLEHLLCPAY ARPTS\*VCVG GLYASSSVPP CPSFTGAFGG SVGGGTFCGV 120  
WGSPGSPTKL SPSPVPTHLL QPPA 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

CRPTIFTTPRP PALGEGSTTT SPLDIPLGTG MWVPLTVRPW GEPKALTSGI AMLGGGASET 60  
VGRQDILGAA PSQQGIRQGA VGDGLAQKG TAWSGFLEIP KPHRRSHLLQ IPQRHR 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 22 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

RMGKEALMSW RRDPPTLSW WA

22

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:109

10

GAGPWAEFPD GIGRRSRRAR LPQYKRPPGG GGGGDSGRRN MAVADLALIP DVDIDSDGVF 60  
KYVLIRVHSA PRSGAPAAES KEIVRGYKWA EYHADIYDKV SGDMQKQGCD CECLGGGRIS 120  
HQSQDKKIHV YGYSMAYGPA QHAISTEKIK AKYPDYEVTW ANDGY1 65

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

35

PSSPSLPVLR AGLRPFCDLV PGCGCVRFLC SCL

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH



(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

5 ETCAGAGRCA ADGGNGSGSR VPPASRCCAL G

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

10 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

25 KRAQAPAAAL QMAEMDPVAE FPQPPGAARW AEALLRCFTW LRLCQISMFL SLKCLNTRSS 60  
HLGAHCR 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

30 (A) LÄNGE: 246 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

50 GCVAGSAGLS RKSPWTEVET ETFLGSPRYS RRVRSYWLL GLMAVRASFE NNCEIGCFAR 60  
LTNTYCLVAI GGSENFYSVF EGELSDTIPV VHASIAGCRI IGRMCVGNRH GLLVPNNTD 120  
QELQHIRNSL PDTVQIRRV ERLSALGNVT TCNDYVALVH PDLRETEEI LADVLEKEVF 180

RQTVADQVLV GSYCVFSNQG GLVHPKTSIE DQDECLSFQV PCCGDVNEAL SDSWDVYNVS 240  
FVPETT 246

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

MGYNLSPQFT QLLVSRYP R SANPAMQLDR FIQVCTQLQV L TEAFREKDT AVQGNIRLSF 60  
EDFVTMTASR ML 72

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(A) LÄNGE: 35 Aminosäuren

30 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

45 EHTHRCSDQL RLATVSNSVA SKREVYLCPA IGH LG

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

50 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

15 ATLWLAKERF ICAQPLVTLG DAPDSRQMLV HWPSSSFLLK

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:119:

20

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

QKRSLFVPSH WSPWVMHQIA GRCWFIGLRP LSS

33

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

LSSSRSFIST SWGAFVFFCL LSCGSLVLAG FEGASTSMAY FSEWASRICW RSFLRFFPDS 60  
VMLARALDAR FLRWCRVISP WSITAPTTRC LRRRSRFNTR RRLNSFFFSS VRGRLIFFPG 120  
APIVAIPLQF TVRTSAQRRI RGLRPGLPRA NRNSGAGPRA I 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

FFQSARALLQ MELTAREALL QSFFCTFFPP KDIPLGEVSR PLGRRKSGE

49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

KGALLLSKSS ETTTESEGWL QLRIF

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

5

- (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

WKRFSHLLQG PSFLHPGGLL SSFAF

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

25

- (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

WLLQLKPHLL AHHPKGLPH RGAPLYSPRT RPRVAIGPRK AGAEPADPAL SGSTDRELEW 60  
NRDYGSSGGK DQPAPNGAEE EAVQTPAGVE SGAASEAPGG RGCDRPRADH AAPPQEAGVQ 120  
CTCQHYTVRE EAQKTTPADP ACPEREDSHG SGSPFKASQD 160

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

50

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

15    FFFPCQPFIFG SGTHEVQLVP GTVHSLKQLK GLSPDTPATL SRMHGPGTLT SMEEVGSARG 60  
     GRMVARDTES LVLGLWLS 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(A) LÄNGE: 110 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

35    CALLPPTPSR TEPSSLHSTGD SGKGAEDRQE AHRDRPTGSQ AAPEERDIQ TEESLPAPHSF 60  
     QDEKNLPPPP DTDAREVGGR SGKFPFPVPP RTSEPSMLNF FFIKITFIL 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

10 SLPADVPCCP PPHPAQNHPC IPQTRARVP KIDKRHTETD QLAARQPQRR ETFRQRKVSL 60  
PLIPSKMRKT CRHPPTLMPG RWEEEVGNFP SQYPQERLSL QC 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

15 (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

30 LCQLMCPVAP HPIPHRTIPA FHRGLGQGCR R 31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

35 (A) LÄNGE: 166 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

GFRPARCDPV PLPTTRSVAG LPVGRVRQLS RPLLGPDTGS VANIFKGLVI LPEMSLVIRN 60  
LQRVIPIRRA PLRSKIEIVR RILGVQKFDL GIICVDNKN I QHINRIYRDR NVPTDVLSP 120  
FHEHLKAGEF PQPDFPDDYN LGDIFLGVEY IFHQCREDED YNDVLT 166

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

10

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

25 FDPKLLEGKV KEDPDQGESM KPLTFARFYL PILVPSAKKA IYMDDDVIVQ GDILALYN TA 60  
LKPGHAAAFS EDCDSASTKV VIRGAGNQYN YIGYLDYKKE RIRKLSMKAS TCSFNPGVFEV 120  
ANLTEWKRQN ITNQLEKWMK LNVEEGLYSR TLAGSITTPP LLIVFYQQHS TIDPMWNVRH 180  
LGSSAGKRY S PQFVKA AKLL HWNGHLKPWG RTASYTDVWE KWIYIPDPTGK FNLIRRYTEI 240  
30 SNIK 244

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

50 PSFIIHSNPI WLGALLWVSH CPSSILGSLR PRGGKIQLRV GGSEPCRMK ATCFGNDLPL 60  
PVV 63



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- 5 (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

20 DYLRLLSSGFC QNTPLTESTE GMGVGGLGRV RLECEGSLIY AELKSPSLYV HTFVLFSRLI 60  
LAIPNPLPR 69

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

QPFYFNTPL SILHFPHLSK LNLVHRVGLC MCMQEVGVDS ALGWNPP 47

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

15 VPPCPQLREL CPGVNNQPYL CESGHCCGET GCCTYYYELW WFWLLWTVLI LFSCCCAFRH 60  
RRAKLRLQQQ QRHVEINLLA YHG 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

20 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

35 WKSWQLHRML LTRTEFWYLS TEVSTMFTCK RLRKKPLKWT GIQSSFVSVTH QSDKRLVTTL 60  
PGLFSFYNSS SIHNDVFLCS IFFNPLSI 88

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

(A) LÄNGE: 21 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

CYMHFLTFVK NVTIVKKCTK M

21

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

MEIEQVHFPA YRQLYTDLNI FSSCLVKVKE KGFFLPQDIT FFYITSITHH CFWWKSAE

58

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(A) LÄNGE: 21 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

NSFLTQMMVL QNNKMAEHFH K

50

21

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

5 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

20

SVTKSGFLIP CHLGDFILLC CFKIQCREVV DCRGNKVNSN FEKK

44

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

25

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

40

NPPNDKVSEI QTSLSHCEN VQPFYCSVKE PSSGSKMNSI NQRIFYTLEK KISSNILEY 60  
CKLHFSS 67

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

15 KVHTILHFST KSSGVLCLLY KKKLYPVAGK TLSLSLLLN WRKCSSLYKV AYKLESELVQ 60  
SPPTF 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

20 (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

35 KIWSREQNHC EWMNCKMKK VQAKLLQVFC HFDESQKMF GYLSTLRVFS LIFCM 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

40

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60  
NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH 113

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

30 MQHFAATLQA SLLSGLQRLE RDRDWKGTRT EQTGYKDSKQ FHALCCYRGE QNAFSKDLKT 60  
LPSLQERIDA DRRAWTDVMR TKENDGWR 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

35

(A) LÄNGE: 143 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

50

VVEGPDCGHH GDAGAEVPRC LWPRSGICGR ECGLGDRWFL RVEDRQDLNR QRIQRYAQAF 60  
HTRGSEDLK DSVEKLELGC PFSPHLSLPM PSVSRSTSR SANWERLRQG TLRRDLRGII 120  
NRGLEDGESW EYQI 134

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152

25

MKVSALLCL LLIAATFIPO GLAQPDAINA PVTCCYNFTN RKISVQRLAS YRRITSSKCP 60  
KEAVIFKTIV AKEICADPKQ KVVQDSMDHL DKQTQTPKT 99

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

30

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

45

VFFFTAENWW YFHIHSVSIQ FQYPHLMRKK CFTNEGGILK LAVMLGWRKF GI 52

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

50

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

15

FFFLQKIGG IFTFIVFLSN FSTHI

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

20

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

ISCNVRLEKI WYLG YFQGTI KSDFCFFVKK NFFNQYCFYK

40

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

10 NANYCIHHKL KKRTCIRRLK TRKKIQHPNM YSQEGNQFCN RTGIMNYQE GVEKEEKKMC 60  
IEFKTL 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

15 (A) LÄNGE: 23 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158

30 PCCEVLAVGV NVWKCSQQVC WGV 23

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

35 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159

PAVKSWQVLV MCGNAVSKFA GEFDKSIQN KKSLGIILFH DFFCSFTPEG RNLQQVVEE 60  
EGGEQVY 67

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
10 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160

EGEPACSGIQ ARRVTCPSP RDASPAPASE TSLSVPATLV GGSDLIHFQV GSGPTPGPAE 60  
25 DRAARPSWLT LQLALGWGGR ELMSVASLSW GFPACPVVSC PRCYRGCA 108

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161

- 30 (A) LÄNGE: 20 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161

45

FCSTTSSVAL HQKEGMGYSR

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

50

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162

IPGLKYFVGI AYYIILADEP QDNGYRHTHT YHTKSQLLK SGLGIRLLCP VKNSCTEVIV 60  
T 61

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 22 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

LMNLRTTATD THIHTRTQNL SC

22

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164

TSGQRLQTHY YIAHKISAV EEAWNQTSV SSKLLH

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

TVPFVSASG FHLIFFALPI LFQPVAKNHE TRQWKHRHRR RGPSCALKAG KTASGAGEVV  
RCLSEQSVAI SR

60  
72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

LISTSEEVLT FSMLHRNWYN MPSVY

25

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169

(A) LÄNGE: 20 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 169

LKLLAWSYLH SFCVLFASCI

20

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 170

LLACCTETGI TCLQYTNTHM LSFVLFWQLT RS

32

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

50

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 171

15

IALSCCFNVV HTIASQTCYS SVICSVVTKV TGLVLFAQFL RLVCFLHLIN

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

20

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

EHYTIGFQYC THKIHTCVQK VSSSRLVIPF TWKINEGNLY ILYKNKSKFI Y

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

40

(A) LÄNGE: 239 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 173

LFIHFRNNTN NWREIPENLM DQYSEVNAIS TACSNVPEEC EEMVSGLFKQ WMENPNNNPI 60  
HPNLRSTVYC NAIAQGGEEE WDFAWQFRN ATLVNEADKL RAALACSKEL WILNRYLSYT 120  
10 LNPDLIRKQD ATSTIIISITN NVIGQGLVWD FVQSNWKKLF NDYGGGSFSF SNLIQAVTRR 180  
FSTEYELQQL EQFKKDNEET GFGSGTRALE QALEKTKANI KWVKENKEVV LQWFTENSK 239

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

YANQSSSLRF KIKYKLLCFS THSGSIVPEP DCYFFILNII FPHLICLPLI HRHLEKEMGG 60  
CLLSLSLCFV PVVRLAASVA RWAWLEPWVR QVAGGDRERL RGKWWHLLL 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

SLFLSSTGVS APLQGQSKSL HPEPPPIPVH FSR

33

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

HSFSARLEFL HLCRGKVSPC TLNHPPFLFI SADNDGGGGV SIVLRV

46

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 186

VEGTCSDGVF SGFLAPGCAV HRPHRPWPQH PQQGQWKCQS SKCHHFPLSL SLSPPATCLT 60  
HGSNQAHRAAT DAASLTGTGK QRERDNRHPP ISFSKCLWMR GRQIR 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:



- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

RGHAVTEYLV GSLLAVQFT GPTGLGPSIP SRDSGSVRAV NATTSLSASP CPRQPPASPT 60  
ALTKPTEQLT LPV 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 188

MFFIFFMLSI QALFHGQQVI FHNVDFPK

28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 189

LLNTAILWLL LVFLWYVWE CLWNYQYLKF SKEPWKSITL NESLSLYMNY VLKFDQLSLR 60  
HKTVI 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

CFSFFSCYLS KHCSMVSKSY FIMWIFQNNY

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 191

FFFFVTNVFY LFINKKCIVQ ALYPNPSTQK KINNRPWMAQ T

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

YKPFIFIQVL RKRLTTDPGW HRHNLFGVI

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

SSHMTNTYD FFRNIIRRL NLLQQQKFN PLN

33

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

TPLRKEVLKS KMGKSEKIAL PHGQLVHGIH LYEQPKINRQ KSKYNLPLTK ITSAKRNENN 60  
FWQDSVSSDR IQKQEKKPFK NTENIKNSHL KKSFLTEVS QKENYAGAKF SDPPSPSVLP 120  
KPPSHWMGST VENSQNREL MAVHLKTLK VQT 153

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

(A) LÄNGE: 304 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

SLYYYGIRDL ATVFFYMLVA IIIHAVIQEY MLDKINRRMH FSKTKHSKFN ESGQLSAFYL 60  
FACVWGTFIL ISENYISDPT ILWRAYPHNL MTFQMKFFYI SQLAYWLHAF PELYFQKTKK 120  
EDIPRQLVYI GLYLFHIAGA YLLNLNLHGL VLLVLHYFVE FLFHISRLFY FSNEKYQKGF 180  
SLWAVLFVLG RLLTLILSVL TVGFGGLARAE NQKLDFTSGN FNVLAIVRIAV LASICVTQAF 240  
MMWKFINFQL RRWREHSAFQ APAVKKKPTV TKGRSSKKGT ENGVNGTLTS NVADSPRNKK 300  
EKSS 304

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:201

KMTTAARPTF EPARGGRGKG EGDLSQLSKQ YSSRDLPST KIKYRQTTQD APEEVRNRDF 60  
RRELEERERA AAREKNRDRP TREHTTSSSV SKKPRLDQIP AANLDADDPL TDEEDEDFFEE 120  
ESDDDDTAAL LAELEKIKKE RAEKGQGP GK PRAKKALRG GRVSFWENIG WAGNPFPLIL 180  
SLAHSKLKAD FEKFERRV 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:202

VLIFLVFLLD GKAVGINRGQ RLMLEWPVEV VEQSSHLLSG AVSGWVYLKA TKCFG 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:203

SPGFFLSLPF STGXAWASSS CHPSRKAPAP SCLPAACIQG QSSGLQTGLV PPPLQGMGVG 60  
EGAFKK 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:204

HLGYGKLLWC VVGFLFSFLS FFSPFSLLEF SFPPSPPLAK LGPHPHVILL GRRLPHLVCR 60  
QHASKARAQA CRLGWCLLRF RVWELVKGLS KNNKKKKVKS LVASIHSDPG RQQGFVDLDS 120  
LGMSSCQPGQ DPGLPRAEAL PATRIPLWG LCVQRSGSET S 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 205

LDLVFIVEH TYQGEVLHTQ LQIIFGKKAV KKIQLQLL

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

10

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 206

ENYFAFSVNL RSVLNKVQSS ARPFPSIMSA LG

32

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 207

CMLQINLYFF PLGFSKNTT STPNEHGTCL FLPLLIYSRF SSVFFSNAAF SCSSGLLSGS 60  
IVAKDSIRST LHSDVKHSHC LDSSSFLSSN SITDKASVLT DE 102

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- 5 (A) LÄNGE: 34 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 208

20 VLFSKEYVID LQVSSRISAK ASGSACSSSK SINP

34

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- 25 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 209

VAHWQGDQKH YFHTCVMILF FLRESHSVAR LGVQWHDLGS LQP

43

## 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 210

DLTFEQIRKL NPAANHRLRN DFPDEKIPTL REAVAECLNH NLTIFFDVKG HAHKATEALK 60  
KMYMEFPQLY NNSVVCSEFLP EVIYKMRQTD RDVITALTHR PWSLSHTGDG KPRYDTFWKH 120  
15 FIFVMMDILL DWSMHNILWY LCGISAFMQ KDFVSPAYLK KWSAKGIQVV GWTVNTFDEK 180  
SYYESHLGSS YITDSMVEDC EPHF 204

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 214

SFKVTLWKSE TRGCHEGSFS FSEEKIGMGY RTI

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 215

NSKVDVIFTP MSICPISVSS SPLGIYSLYV NKIRSSDSLI QSSSFSSLFL CRLLDIYCST 60  
T 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 24 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 216

PMYKIAKCLL FIKRCNGVGG RGNF

24

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1880 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 217:

5  
CGCCGGGGGC CGGGGGCGGC CCAGGGGGGG GCCCGGGGCC GGGGCCCTGC CTGAGGCGAG 60  
AGCTGAAGCT GCTCGAGTCC ATCTTGCCAC CGCGGCCACG AGCGCTTCCG CATTGCCAGC 120  
GCCTGCCCTGG ACGAGCTGAG CTGCGAGTTC CTGCTGGCTG GGGCCGGAGG GGCCGGGGCG 180  
GGGGCCGCGC CCGGACCGCA TCTCCCCCA CGGGGGTCGG TGCCTGGGGA TCCTGTCCGC 240  
10 ATCCACTGCA ACATCACGGA GTCATACCTT GCTGTGCCCC CCATCTGGTC GGTGGAGTCT 300  
GATGACCCTA ACTTGGCTGC TGTCTTGGAG AGGCTGGTGG ACATAAAGAA AGGGAATACT 360  
CTGCTATTGC AGCATCTGAA GAGGATCATC TCCGACCTGT GTAAACTCTA TAACCTCCCT 420  
CAGCATCCAG ATGTGGAGAT GCTGGATCAA CCCTTGCCAG CAGAGCAGTG CACACAGGAA 480  
GACGTGTCTT CAGAAGATGA AGATGAGGAG ATGCCTGAGG ACACAGAAGA CTTAGATCAC 540  
15 TATGAAATGA AAGAGGAAGA GCCAGCTGAG GGCAAGAAAT CTGAAGATGA TGGCATTGGA 600  
AAAGAAAAT TGGCCATCCT AGAGAAAATT AAAAAGAACC AGAGGCAAGA TTACTTAAAT 660  
GGTGCAGTGT CTGGCTCGGT GCAGGCCACT GACCGGCTGA TGAAGGAGCT CAGGGATATA 720  
TACCGATCAC AGAGTTTCAA AGGCGGAAAC TATGCAGTCG AACTCGTGAA TGACAGTCTG 780  
TATGATTGGA ATGTCAAACCT CCTCAAAGTT GACCAGGACA GCGCTTTGCA CAACGATCTC 840  
20 CAGATCCTCA AAGAGAAAGA AGGAGCCGAC TTCATTCTAC TTAACCTTTC CTTTAAAGAT 900  
AACTTTCCCT TTGACCCACC ATTTGTCAGG GTTGTGTCTC CAGTCCTCTC TGGAGGGTAT 960  
GTTCTGGGCG GAGGGGCCAT CTGCATGGAA CTTCTCACCA AACAGGGCTG GAGCAGTGCC1020  
TACTCCATAG AGTCAGTGAT CATGCAGATC AGTGCCACAC TGGTGAAGGG GAAAGCACGA1080  
GTGCAGTTTG GAGCCAACAA ATCTCAATAC AGTCTGACAA GAGCACAGCA GTCCTACAAG1140  
25 CCCTTGGTGC AGATCCACGA AAAAACCGGC TGGTACACAC CCCCAAAAGA AGACGGCTAA1200  
CCCTGGAGTA TCACCTTCC TCCCTCCCCA GGCACTACTG GACCAATTAC CTTTGAATGC1260  
TGTATTTGGA TCTCACGCTG CCTCTGTGGT TCCCTCCCTC ATTTTTCCTG GACGTGATAG1320  
CTCTGCCTAT TGCAGGACAA TGATGGCTAT TCTAAACGCT AAGGAAAAAA AACAAACACA1380  
GAAGTGTTC AAGTACTCAA GACTGACTTA CAGACCAACC AACCACCTTG CTGGAACCCT1440  
30 TGCTAGCAGG CATTCTTATA AAAGAAACTT TCGAGCCTCC TTATATTGCT GGAAACTCAG1500  
CTGTGCTCCA GACTAGAGCC TCCTTACCTA TGCTATGGAT TTTTAATTTA TTTTCTCTTA1560  
TTTCATGTAC ACTGCTTTT TTGGTTACAG TGTATGATGG ATGTGTATGA AAAAAATGTA1620  
TCTTTGGGAA AACAATTACA GTTGTTAAT TTGGAAAAAA AAAAAATGAC TCATCTTTAT1680  
TTTTATTGCG ACATCCCACC CCATCCCCTG GAACTACTTG GGGAGGTGGG GAGGGGTACG1740  
35 AGTCCACTGT TGGCTTGGTA GGAGATGAGA GGCCGCATTT GCTGCTTAAG CAAGGGGAAC1800  
TGGGGCTGAG CACACACCGG GGTGCCCCCG GATTTTTCCT CAAGGGCTCT GGAGCAACGG1860  
CACCGGCCCC TTGGGATGCA 1880

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

- 40  
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1024 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 218:

```
10 GCGGTCGGTA GTGCGGCGCT GTTTAAAGAT GGC GGCGGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA 60
   GGAGCCGCTG GGCAGCGACT CCGAAGTGTT AACTGTCTGG CCTATGATGA AGCCATCATG 120
   GCTCAGCAGG ACCGAATTCA GCAAGAGATT GCTGTGCAGA ACCCTCTGGT GTCAGAGCGG 180
   CTGGAGCTCT CGGTCCTATA CAAGGAGTAT GCTGAAGATG ACAACATCTA TCAACAGAAG 240
   ATCAAGGACC TCCACAAAAA GTACTCGTAC ATCCGCAAGA CCAGGCCTGA CGGCAACTGT 300
15 TTCTATCGGG CTTTCGGATT CTCCCATTG GAGGCACTGC TGGATGACAG CAAGGAGTTG 360
   CAGCGGTTCA AGGCTGTGTC TGCCAAGAGC AAGGAAGACC TGGTGTCCA GGGCTTCACT 420
   GAATTCACAA TTGAGGATTT CCACAACACG TTCATGGACC TGATTGAGCA GGTGGAGAAG 480
   CAGACCTCTG TCGCCGACCT GCTGGCCTCC TTCAATGACC AGAGCACCTC CGACTACCTT 540
   GTGGTCTACC TGCGGCTGCT CACCTCGGGC TACCTGCAGC GCGAGAGCAA GTTCTTCGAG 600
20 CACTTCATCG AGGGTGGACG GACTGTCAAG GAGTTCTGCC AGCAGGAGGT GGAGCCCATG 660
   TGCAAGGAGA GCGACCACAT CCACATCATT GCGCTGGCCC AGGCCCTCAG CGTGTCATC 720
   CAGGTGGAGT ACATGGACCG CGGCGAGGGC GGCACCACCA ATCCGCACAT CTTCCCTGAG 780
   GGCTCCGAGC CCAAGGTCTA CCTTCTCTAC CGGCCTGGAC ACTACGATAT CCTCTACAAA 840
   TAGGGCTGGC TCCAGCCCGC TGCTGCCCTG CTGCCCCCCT CTGCCAGGCG CTAGACATGT 900
25 ACAGAGGTTT TTCTGTGGTT GTAAATGGTC CTATTTACC CCCTTCTTCC TGTCACATGA 960
   CCCCCCCCCA TGTTTTATTA AAGGGGGTGC TGGTGGTGAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1020
   AAAA 1024
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2383 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 219:

```

5  CCCTTCATTA AAGCCCTCCT AAATATAACT CTTCTGTATC AAAGGACTTA CAAATGTCTC 60
   AAGAAAGTAA TGGTGTAGCA GTGTAAGAGA AGTAAAAGTC TGCTAGGGGA AACTAATGAA 120
   GCATTTTCCT CATTACACTT TTGGGTTGAT ATATTTTCATT AAGACAGAAC TAGTTCTGTT 180
10 TTGCTTTGCT TTTTAGTGCT TAGTCTGAGA GGCAATGCGA GAAACCAAAA GTCTTAGGAG 240
   AAAAAGTGCT TTCATAATTT CCAAGTGTAAAG CCACAAAGAA GCTTTTCTAT AAAGGCTTGA 300
   AAGCTTGAAG AGGTGACAAG AGCAAGCTGT ATTCAATTAG ACAGTTCAAT AAATATGCAA 360
   AAATAAAAAA ACACTTATCA ATCATGAGTA TACTGTTTGT ATTCTGGAAA AAGCAACATA 420
   TTTTCATGCTT TGAATATTTT CTCTTGAGAA TAGTTTAAA GTTATTTTCT TTTGTAACAT 480
15 TCAAAAGTAA AACACACATA TATAATTCCA TCAAGGATTC TCTGTATGAT TAACATTCTG 540
   TACAAGTCAA ACATGACCAC ATCTATATTG GAAAGAGAGC ACTGAGAAGC AACAGCAGGA 600
   GAATGCATCA CCTGTGCCCTG TTTCAGGATG AACAGTTTTG TTAAGTTCAG CAGATGAATG 660
   TAACAATGAC CACTTGTTTC CAAATACCCA GATGTTTCTT ACTGGCTCCT CACTAATCAA 720
   TAACACAAGT GCTAAGTTCT AAGTATTTAA AAAAACAAAA GACTGCAGGT GACTCCTTCT 780
20 CTCTGGTCCC TTTACCAAAG CTCCAAATCA CTTATGACAT TAATTACAAT ATTCTGCACT 840
   CCAAAAAAAT ATGCAAAACAC AGGTTTGCTA AATTTTAGTT ACTCAGTGAA CCTACTAAAT 900
   TTTAAAGTAG AAAAAAGACT TACATTCTCA TGACACAAAC TTTAGTTTTT ACATTCACCA 960
   AAACATTTTA AAATCACTCA AACATGAGAA TTGAAAATGT GTGTGCTTAT TTGGGAGAGG1020
   ATTACTGCAT TTATTCCTCCA GAAAAAAGG CAGACCTGAG GCATCACATT ACCGGAACAT1080
25 TTAATATGA TGACATGTTT CTTATCTTCT AAACCTCAAC GAAAGCTGCT TGTACAAACT1140
   ATTTAATGCA TATCTGCCCC ATTAACAAG ATATTTGATG TAGCAGAGAA GCCAGAAGCT1200
   GAGTCACTTC ATTTCTTTCT GTTGCCCTCCA GTTGCCAGCA TAGTTGCAAC TCGCATAAAT1260
   ATATTTAATG TATCCATGTA GATACTCAGC ATCGAGTTAA TGGGATCATA TTTTGAAC1320
   CCATACATTG GTGATACTTC TGCACGCTTG ATTACTTTCT GGGTATCATA CAGAAGGAAC1380
30 ATGCTGAAAA GAACTAATCC ACCGTACATT GCCACTGAGT AAAGAGTGGC ACCAGCCACG1440
   GGTGGTAGGT GGAAGAAACA TAGATCCCAA TGAGGACACA AAGACGAGAC CCAGGCCAC1500
   TCCCAGGGGT GCACCATGT TCAGAACTT TCACTGGGC GCACACATGG CCACAGTGA1560
   GAGGCCTCCC ACAATGCCAG CTGTGTACCA TGCAGCTCTG ATGAGAAGAG GACCCCTAA1620
   TATTGTCAGA GGAGCCACCA CTGCACCCAT CACACCAGAA TGTAGCAACC AAGCAAGATG1680
35 CTTTGGGCCT GGGCTCTGGT CATATGGTAT TGATCGTACC AGCATTCCAG CTCCAACCAT1740
   GGCTGCAAAG GTCACACCAA TTGTACCCCA AGAGCCTCTC ATCATGAAGT TCATGAGAAC1800
   AGGCGTTCTG CTGATTGCTA TGGCAGACAA AGCTGTTAAA CCAATACTCC CTGCTAAGTA1860
   CATATAGGTG GAATGAATTC TATCCTTGAC ATACTGAGGC CAAATTACAG CCTTTTCAAT1920
   AGCTCCAATC TCATTAGACA GTCCCAAGCC ATAGTAGCAC AATGCTCCAA GACCAACAGC1980
40 AGCCCCCCA GCAACAAACC ATCTTCCCAT CTGATCAATT TTAAATATTT TTTCCATCGA2040
   TGGTTCCAAT GCTGCCTCTT TGAGTTCTTG GCCAGTTCTC CCACGCCGGA TCCCAATTCT2100
   TGTTTTGGTG GCATATTCCC TGCTAGGTGT TAACAGCCAT TGATTCTTCG TGATGGAATT2160
   CTTACAACA GGGGAGGCCCT TGGTGAAAGC TGGGTGGAAG ACCCTAGAAG GTAGTGCCG2220
   GAGACACACC AGCCTGTCAG CCAACATGGT GGTGGTGCAC CAGGTCTACC GAGCAGATCT2280
45 GAAATGCTCG GTCCCGGTC ACCTTCGCCT CGCAGTTTCC CTTCCGGGCC CCTAGCGTCG2340
   GCCTCAAAGA GCACAGTTCC TCCGGCGCAC TGCATGTCGC AAC 2383

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

## 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3210 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 220:

```
GCAAGGCCTA CTGTCGGCTG GGAGGGGAGG TGTAGCCGGT CTTTGGGGGT AGGCGGTAGT 60
GGCGGAAGAG GTTCGGCGGC TGATGGCGGA TCAGGATCGG AAGCCTGCGT AACTTTCTCC 120
15 CTTGATCCGG GAGTCTTTCC ACTGGATTCA CAATGACATC CTTTCAAGAA GTCCCATTC 180
AGACTTCCAA CTTTGCCCAT GTCATCTTTC AAAATGTGGC CAAGAGTTAC CTTCTAATG 240
CACACCTGGA ATGTCATTAC ACCTTAACTC CATATATTCA TCCACATCCA AAAGATTGGG 300
TTGGTATATT CAAGGTTGGA TGGAGTACTG CTCGTGATTA TTACACGTTT TTATGGTCCC 360
CTATGCCTGA ACATTATGTG GAAGGATCAA CAGTCAATTG TGTACTAGCA TTCCAAGGAT 420
20 ATTACCTTCC AAATGATGAT GGAGAATTTT ATCAGTTCTG TTACGTTACC CATAAGGGTG 480
AAATTCGTGG AGCAAGTACA CCTTTCCAGT TTCGAGCTTC TTCTCCAGTT GAAGAGCTGC 540
TTACTATGGA AGATGAAGGA AATTCTGACA TGTTAGTGGT GACCACAAAA GCAGGCCTTC 600
TTGAGTTGAA AATTGAGAAA ACCATGAAAG AAAAAGAAGA ACTGTTAAAG TTAATTGCCG 660
TTCTGGAAAA AGAAACAGCA CAACTTCGAG AACAAGTTGG GAGAATGGAA AGAGAACTTA 720
25 ACCATGAGAA AGAAAGATGT GACCAACTGC AAGCAGAACA AAAGGGTCTT ACTGAAGTAA 780
CACAAAGCTT AAAAAAGGAA AATGAAGAGT TTAAGAAGAG GTTCAGTGAT GCTACATCCA 840
AAGCCCATCA GCTTGAGGAA GATATTGTGT CAGTAACACA TAAAGCAATT GAAAAAGAAA 900
CGAATTAGA CAGTTTAAAG GACAACTCA AGAAGGCACA ACATGAAAGA GAACAACTTG 960
AATGTCAGTT GAAGACAGAG AAGGATGAAA AGGAACTTTA TAAGGTACAT TTGAAGAATA1020
30 CAGAAATAGA AAATACCAAG CTTATGTCAG AGGTCCAGAC TTTAAAAAAT TTAGATGGGA1080
ACAAAGAAAG CGTGATTACT CATTTCAAAG AAGAGATTGG CAGGCTGCAG TTATGTTTGG1140
CTGAAAAGGA AAATCTGCAA AGAACTTTCC TGCTTACAAC CTCAAGTAAA GAAGATACTT1200
GTTTTTTTAAA GGAGCAACTT CGTAAAGCAG AGGAACAGGT TCAGGCAACT CGGCAAGAAG1260
TTGTCTTTCT GGCTAAAGAA CTCAGTGATG CTGTCAACGT ACGAGACAGA ACGATGGCAG1320
35 ACCTGCATAC TGCACGCTTG GAAAACGAGA AAGTGAAAAA GCAGTTAGCT GATGCAGTGG1380
CAGAAGTTAA ACTAAATGCT ATGAAAAAAG ATCAGGACAA GACTGATACA CTGGAACACG1440
AACTAAGAAG AGAAGTTGAA GATCTGAAAC TCCGTCTTCA GATGGCTGCA GACCATTATA1500
AAGAAAAATT TAAGGAATGC CAAAGGCTCC AAAACAAAT AAACAACTT TCAGATCAAT1560
CAGCTAATAA TAATAATGTC TTCACAAAGA AACGGGGGAA TCAGCAGAAA GTGAATGATG1620
40 CTTCAGTAAA CACAGACCCA GCCACTTCTG CCTCTACTGT AGATGTAAAG CCATCACCTT1680
CTGCAGCAGA GGCAGATTTT GACATAGTAA CAAAGGGGCA AGTCTGTGAA ATGACCAAAG1740
AAATTGCTGA CAAAACAGAA AAGTATAATA AATGTAAACA ACTCTTGCAG GATGAGAAAG1800
CAAAATGCAA TAAATATGCT GATGAACTTG CAAAATGGA GCTGAAATGG AAAGAACAAG1860
TGAAAATTGC TGAAAATGTA AAACCTGAAC TAGCTGAAGT ACAGGACAAT TATAAAGAAC1920
45 TTAAGAGGAG TCTAGAAAAT CCAGCAGAAA GGAAAATGGA AGATGGAGCA GATGGTGCTT1980
TTTACCCAGA TGAAATACAA AGGCCACCTG TCAGAGTCCC CTCTTGGGGA CTGGAAGACA2040
ATGTTGTCTG CAGCCAGCCT GCTCGAACT TTAGTCGGCC TGATGGCTTA GAGGACTCTG2100
AGGATAGCAA AGAAGATGAG AATGTGCCTA CTGCTCCTGA TCCTCCAAGT CAACATTAC2160
GTGGGCATGG GACAGGCTTT TGCTTTGATT CCAGCTTTGA TGTTCAACAAG AAGTGCCCC2220
50 TCTGTGAGTT AATGTTTCTT CCTAACTATG ATCAGAGCAA ATTTGAAGAA CATGTTGAAA2280
GTCAGTGAAA GGTGTGCCCC ATGTGCAGCG AGCAGTTCCC TCCTGACTAT GACCAGCAGG2340
TGTTTGAAAAG GCATGTGCAG ACCCATTTTG ATCAGAATGT TCTAAATTTT GACTAGTTAC2400
TTTTTATTAT GAGTTAATAT AGTTTAGCAG TAAAAAATAA AAAAAAATC CACACCTAAA2460
ATAGACCACT GAGGAGACCA TAGAGCGGAT GCTTTCATGC ACCCTTTACT GCACCTTCTG2520
55 ACCAGGAGCT ACTTTGAGTT TGGTGTTACT AGGATCAGGG TCAGTCTTTG GCTTATCAAT2580
AAATTTTAAT CTCTGTTAAT CTTACCTGCT TTAATAAATA GTTCTTGTGT GTTCGTATCT2640
```

TTATTTATTC CCTAGTTTGC AGAACTGTCT GAATAAAGGA TACAAGGATT ATTTCAATGT2700  
TACTGCACTG AAAAACGTGT ATGTATTAGT GTGCTAGATT ATTTAGCAGA ATATTCACAA2760  
GTTTCTGTTG ACCTTGTTGA TTGAGCATGA CTAATAATA TTATGTAATA AAAAGCATT2820  
GTCATAACAG TCTTATGAAG TAGTTCTTCG AATATAGAAA GTTCTATAAT TTAGCCCATG2880  
5 AAATGATAGG TTTTAAATTT TCAGAAATGG AGCTGCATGT AGAATGAGAT CACATGCTTT2940  
TATATGTGAA ATATTGGTTT TAGCAATTAA CAGAAGGCAT ACTTTGCTAA TTTTATGGCA3000  
AAATTTTAGA ATAACCTGAA TGATTATTTT TAACTATCT TGAAGTTGTA TGTATATATC3060  
CTAATGGGGA AATGGGGCAA GGGATTGTCA GTATAATTGT TTTCCCGATT AAATGGTCCC3120  
CATAACCAGG GGGTGTTTGT GGCATAAAAA TCCATAGGGT ATATAGCAGG ACCTTTTTTG3180  
10 CATTTCCCTG TGGGGATTTA ATTTGGAATT 3210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1030 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 220:

CCGCTTTCTC CGCCCAGCTG GAATTTTGA AGCGAGAAAA TCGACTCGCT CCGTGTTTCGC 60  
CCGCCGACGC CGCACGGTTG CTGGGGCTGG GCTCTTCCTC GCGGAAGTGG GGAGGAGGCG 120  
GTTGCGGTTA GTGGACCGGG ACCGGTAGGG GTGCTGTTGC CATCATGGCT GACCCCGACC 180  
40 CCCGGTACCC TCGCTCCTCG ATCGAGGACG ACTTCAACTA TGGCAGCAGC GTGGCCCTCCG 240  
CCACCGTGCA CATCCGAATG GCCTTTCTGA GAAAAGTCTA CAGCATTCTT TCTCTGCAGG 300  
TTCTCTTAAC TACAGTGAAT TCAACAGTTT TTTTATACTT TGAGTCTGTA CGGACATTTG 360  
TACATGAGAG TCCTGCCTTA ATTTTGCTGT TTGCCCTCGG ATCTCTGGGT TTGATTTTTG 420  
CGTTGACTTT AAACAGACAT AAGTATCCCC TTAACCTGTA CCTACTTTTT GGATTTACGC 480  
45 TGTTGGAAGC TCTGACTGTG GCAGTTGTG TTAATTTCTA TGATGTATAT ATTATTCTGC 540  
AAGCTTTCAT ACTGACTACT ACAGTATTTT TTGGTTTGAC TGTGTATACT CTACAATCTA 600  
AGAAGGATTT CAGCAAATTT GGAGCAGGGC TGTTTGCTCT TTTGTGGATA TTGTGCCTGT 660  
CAGGATTCTT GAAGTTTTTT TTTTATAGTG AGATAATGGA GTTGGTCTTA GCCGCTGCAG 720  
GAGCCCTTCT TTTCTGTGGA TTCATCATCT ATGACACACA CTCATGATG CATAAACTGT 780  
50 CACCTGAAGA GTACGTATTA GCTGCCATCA GCCTCTACTT GGATATCATC AATCTATTCC 840  
TGCACCTGTT ACGGTTTCTG GAAGCAGTTA ATAAAAAGTA ATTAAAAGTA TCTCAGCTCA 900  
ACTGAAGAAC AACAAAAAAA ATTTAACGAG AAAAAAGGAT TAAAGTAATT GGAAGCAGTA 960  
TATAGAACT GTTTCATTAA GTAATAAGT TTGAAACAAT GATTAAAAAA AAAAAAAAAA1020

AAAAAGTTTT

1030

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1216 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 222:

TCTGTTCTGT	GGACAACTGT	TACTGTTCTT	CCGTGGCCAA	CCATGGCGGC	CACCAGCCCT	60
ACCCCGCTC	CGGCCACTTT	CCCTGGACAG	TGCCCTCGCA	GGAGTACTCA	CACCCGCTCC	120
CGCCACACC	CTCCGTCCCC	CAGTCCCTTC	CCAGCCTGGC	GGTCAGAGAC	TGGCTTGACG	180
CCTCCCAGCA	GCCCGGCCAC	CAGGATTCT	ACAGGGTGTA	TGGGCAGCCG	TCCACCAAAC	240
ACTACGTGAC	GAGCTAACGC	CACGCAGGCG	GCGGGGCGCT	GGGGAATCTT	CCTCCCCAGC	300
CCCCGGGCTC	GGGAGTTATG	CATCCAGAGA	CCTGCCCTTC	TACCTTCCTC	GCCTCCCCTC	360
TTCCTCATTC	CATTGCCCCA	GGTCTTTTCC	TTTTGGATTT	TGTTTTGGTT	TTGGCTTTGT	420
TTTTGATTTT	TTTTTATTAT	GAATCTCCTG	GACGCAGAGG	TGACAGTGGG	AGCTGGCCTG	480
GGCCAGGACG	GCAGGTGGCC	CTGGAGATGG	GAAAGTGTCT	GTGTCGAGGC	GCTGAGCTCT	540
CTCTCTGTTT	CTCCTTTTTT	CCTCTACTCC	TTCCCCTTCA	CACCCCGTG	GCTGGAAGGA	600
ACCTCGGCTT	CCCTGAAAGC	TTGGGGGTCC	CACCCTTCTT	ACCCACCCG	GGAGGAACGC	660
CCAGGGCCCC	GGGCTTGTTT	CTCCTCTTGT	TTTCCTTTTG	GGCAGTTTGA	TCACTGATCG	720
AGTAAGGAAT	GACCTTTAGA	TTGTGCGACT	TTTGTTTTTG	TTTTTTTAAA	TTTTTTTAAA	780
CCAAGAATGA	TTTCTCCTGC	TTCCTTCTCC	TCACCATCTT	CCCAGACGGA	GTTCAAAGGC	840
CACTTCTCAA	GCAGCTTTTG	GCACCTTCAG	CCTCAGAGTG	GAATCTTTTA	AAGACAGGAC	900
CCCTATGTCC	AGGAAAGGGG	AAAAGGAACT	TTGCCAATGA	TAGTGACCAC	AGCAAAAGCA	960
ATAAAATAAT	AAAATAAAAA	ACAATAGCAC	AGCCCTTGTT	GAGGTCAGCA	GGGAGGAGGG	1020
GCTGCCCGGA	GTTGGGTCCT	TGCCTGGATT	TTGACACAGC	AACTTCCTGT	AGTGAGCACT	1080
TTGTATGAAT	CGTGGACTTC	CTGTTCTCAA	GGCGCAGGTA	TTTATTCTGT	ATCTGTCTAG	1140
AGCACACACC	AAAATCCAAC	CTTCTAATAA	ACATGATGGC	GCAGTCCCAA	AAAAAAGAAA	1200
CAGAAGAAGA	AAAGGG					1216

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2369 Basenpaare



- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 223:

```
CGGGCGCCCCG GGCCAGAGTC CGGCCGGAGC GGAGGAGCCC GGCCCCAGGG ACAGCTCGGC 60
CGTCATTACT CAGATCAGCA AGGAGGAGGC TCGGGGCCCCG CTGCGGGGCA AAGGTGACCA 120
GAAGTCAGCA GCTTCCCAGA AGCCCCGAAG CCGGGGCATC CTCCACTCAC TCTTCTGCTG 180
25 TGTCTGCCGG GATGATGGGG AGGCCCTGCC TGCTCACAGC GGGGCGCCCC TGCTTGTGGA 240
GGAGAATGGA GCCATCCCTA AGACCCAGT CCAATACCTG CTCCTGAGG CCAAGGCCCA 300
GGACTCAGAC AAGATCTGCG TGGTCATCGA CCTGGACGAG ACCCTGGTGC ACAGCTCCTT 360
CAAGCCAGTG AACAACGCGG ACTTCATCAT CCCTGTGGAG ATTGATGGGG TGGTCCACCA 420
GGTCTACGTG TTGAAGCGTC CTCACGTGGA TGAGTTCCTG CAGCGAATGG GCGAGCTCTT 480
30 TGAATGTGTG CTGTTCACTG CTAGCCTCGC CAAGTACGCA GACCCAGTAG CTGACCTGCT 540
GGACAAATGG GGGGCCTTCC GGGCCCGGCT GTTTCGAGAG TCCTGCGTCT TCCACCGGGG 600
GAAGTACGTG AAGGACCTGA GCCGGTTGGG TCGAGACCTG CGGCGGGTGC TCATCCTGGA 660
CAATTCACCT GCCTCCTATG TCTTCCATCC AGACAATGCT GTACCGGTGG CCTCGTGGTT 720
TGACAACATG AGTGACACAG AGCTCCACGA CCTCCTCCCC TTCTTCGAGC AACTCAGCCG 780
35 TGTGGACGAC GTGTACTCAG TGCTCAGGCA GCCACGGCCA GGGAGCTAGT GAGGGTGATG 840
GGGCCAGGAC CTGCCCCTGA CCAATGATAC CCACACCTCC TCCCAGGAAG ACTGCCCAGG 900
CCTTTGTTAG GAAAACCCAT GGGCCGCCGC CACACTCAGT GCCATGGGGA AGCGGGCGTC 960
TCCCCACCA GCCCACCAG GCGGTGTAGG GGCAGCAGGC TGCACTGAGG ACCGTGAGCT1020
CCAGGCCCCG TGTCAGTGCC TTCAAACCTC CTCCCCTATT CTCAGGGGAC CTGGGGGGCC1080
40 CTGCCTGCTG CTCCCTTTTT CTGTCTCTGT CCATGCTGCC ATGTTTCTCT GCTGCCAAAT1140
TGGGCCCCCTT GGCCCCCTTCC GGTTCGTGCTT CCTGGGGGCA GGGTTCCTGC CTTGGACCCCC1200
CAGTCTGGGA ACGGTGGACA TCAAGTGCCT TGCATAGAGC CCCCTCTTCC CCGCCCAGCT1260
TTCCCAGGGG CACAGCTCTA GGCTGGGAGG GGAGAACCAG CCCCTCCCCC TGCCCCACCT1320
CCTCCCTTGG GACTGAGAGG GCCCTACCA ACCTTTGCCT CTGCCTTGA GGGAGGGGAG1380
45 GTCTGTTACC ACTGGGGAAG GCAGCAGGAG TCTGTCCCTC AGGCCCCACA GTGCAGCTTC1440
TCCAGGGCCG ACAGCTGAGG GCTGCTCCCT GCATCATCCA AGCAATGACC TCAGACTTCT1500
GCCTTAACCA GCCCGGGGCG TTGGCTCCCC CAGCTCTGAG CGTGGGGGCA TAGGCAGGAC1560
CCCCCTTGTG GTGCCATATA AATATGTACA TGTGTATATA GATTTTTAGG GGAAGGAGAG1620
AGGGAAGGGT CAGGGTAGAG ACACCCCTCC CTTGCCCTT TCCTGGGCCC AGAAGTTGGG1680
50 GGGAGGGAGG GAAAGGATTT TTACATTTTT TAAACTGCTA TTTTCTGAAT GGAACAAGCT1740
GGGCCAAGGG GCCCAGGCCC TGTCTCTGT CCCTCACACC CCTTTGCTCC GTTCATTCT1800
TCAAAAAAAC ATTTCTTGAG CACCTTCTGT GCCCAGCATA TGCTAGGCCC ACCAGCTAAG1860
TGTGTGTGGG GGGTCTCTAC GCCAGCTCAT CAGTGCCTCC TTGCCCATCC TTCACCGGTG1920
CCTTTGGGGG ATCTGTAGGA GGTGGGACCT TCTGTGGGGT TTGGGGATCT CCAGGAAGCC1980
```

CGACCAAGCT GTCCCTTCC CCTGTGCCAA CCCATCTCCT ACAGCCCCCT GCCTGATCCC2040  
 CTGCTGGCTG GGGGCAGCTC CCAGGATATC CTGCCTTCCA ACTGTTCTG AAGCCCCCTCC2100  
 TCCTAACATG GCGATTCCGG AGGTCAAGGC CTTGGGCTCT CCCCAGGGTC TAACGGTTAA2160  
 GGGGACCCAC ATACCAGTGC CAAGGGGGAT GTCAAGTGGT GATGTCGTTG TGCTCCCCTC2220  
 5 CCCCAGAGCG GGTGGGCGGG GGTGAATAT GGTGGCCTG CATCAGGTGG CCTTCCCATT2280  
 TAAGTGCCTT CTCTGTGACT GAGAGCCCTA GTGTGATGAG AACTAAAGAG AAAGCCAGAC2340  
 CCCTAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 2369

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:849 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN.

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 224:

CGAAACGTGC GCAGGCGCCG GCCGCTGCGC TGCAGATGGC GGAAATGGAT CCGGTAGCCG 60  
 35 AGTTCCTCCA GCCTCCCGGT GCTGCGCGCT GGGCTGAGGC CCTTCTGCGA TGTTTTACCT 120  
 GGCTGCGGCT GTGTCAGATT TCTATGTTCC TGTCTCTGAA ATGCCTGAAC ACAAGATCCA 180  
 GTCATCTGGG GGGCCACTGC AGATAACAAT GAAGATGGTG CCAAACTGC TTTCTCCTTT 240  
 GGTTAAAGAT TGGGCTCCCA AAGCATTTAT AATTTCTTTT AAGTTGGAGA CTGACCCCGC 300  
 CATTGTAATT AATCGAGCTC GGAAGGCTTT GGAAATTTAT CAGCATCAAG TGGTGGTGGC 360  
 40 TAATATCCTT GAGTCACGAC AGTCCTTTGT GTTTATTGTA ACCAAAGACT CGGAAACCAA 420  
 GTTATTGCTA TCAGAGGAAG AAATAGAAAA AGGCGTAGAG ATAGAAGAGA AGATAGTGA 480  
 TAATCTTCAG TCTCGACACA CAGCTTTTAT AGGTGACAGA AACTGAAGTA AAAAGCCCTT 540  
 ATAGATCAA AAATTGTTCA GGGCTCTTAG AGATGGTGAA AACTACAAAA AAAACCATGG 600  
 CTTTCATATG GACAGATAAA ATGAAAGAGA GGGAAAAGGC AGTGGTGTGT AGGCAAATAT 660  
 45 GGTGTTGGCAT TTGTCTTTTA ATGACACCTG ATATGATGTC ATTTTGATTT TGAAATTGAA 720  
 CACTAGAACT GTTAATCACC TTTAAAAAGG AAGAGCTTAT TGGGGATTAT ATATTCCTTA 780  
 AAAATATACA TGGGGGCGCTG AATGTCAGCC ATCTGTATAC TGTGGGGAAA AGGGGTTTGG 840  
 GTGCAATTC 849

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1502 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 225:

```
CCTTACCGGC AGGGCTGCCC AGGAGCTGCA GGACAAGCAC CAGGAGCCCC TCCGGGTAGC 60
TACTACCCCTG GACTCCCCTC TGGAAGTCCA GGAGGACCAT ATGGCGGTGC AGTCCCCTGG 120
GGCCCCATATG GTCAGCCACC TCCAAGTTCC TACGGTGCCC AGCAGCCTGG GCTTTATGGA 180
25 CAGGGTGGCG CCCCTCCCAA TGTGGATCCT GAGGCCTACT CCTGGTTCCA GTCGGTGGAC 240
TCAGATCACA TGGGCTATAT CTCCATGAAG GAGCTAAAGC AGGCCCTGGT CAACTGCAAT 300
TGGTCTTCAT TCAATGATGA GACCTGCCTC ATGATGATAA ACATGTTTGA CAAGACCAAG 360
TCAGGCCGCA TCGATGTCTA CGGCTTCTCA GCCCTGTGGA AATTCATCCA GCAGTGAAG 420
AACCTCTTCC AGCAGTATGA CCGGGACCGC TCGGGCTCCA TTAGCTACAC AGAGCTGCAG 480
30 CAAGCTCTGT CCCAAATGGG CTACAACCTG AGCCCCAGT TCACCCAGCT TCTGGTCTCC 540
CGCTACTGCC CACGCTCTGC CAATCCTGCC ATGCAGCTTG ACCGCTTCAT CCAGGTGTGC 600
ACCCAGCTGC AGGTGCTGAC AGAGGCCTTC CGGGAGAAGG ACACAGCTGT ACAAGGCAAC 660
ATCCGGCTCA GCTTCGAGGA CTTCGTCACC ATGACAGCTT CTCGGATGCT ATGACCCAAC 720
CATCTGTGGA GAGTGGAGTG CACCAGGGAC CTTTCTTGGC TTCTTAGAGT GAGAGAAGTA 780
35 TGTGGACATC TCTTCTTTT CTGTCCCTCT AGAAGAACAT TCTCCCTTGC TTGATGCAAC 840
ACTGTTCCAA AAGAGGGTGG AGAGTCTTGC ATCATAGCCA CCAAATAGTG AGGACCGGGG 900
CTGAGGCCAC ACAGATAGGG GCCTGATGGA GGAGAGGATA GAAGTTGAAT GTCCTGATGG 960
CCATGAGCAG TTGAGTGGCA CAGCCTGGCA CCAGGAGCAG GTCCTTGTA TGGAGTTAGT1020
GTCCAGTCAG CTGAGTCCA CCCTGATGCC AGTGGTGAGT GTTCATCGGC CTGTTACCGT1080
40 TAGTACCTGT GTTCCCTCAC CAGGCCATCC TGTCAAACGA GCCCATTTTC TCCAAAGTGG1140
AATCTGACCA AGCATGAGAG AGATCTGTCT ATGGGACCAG TGGCTTGGAT TCTGCCACAC1200
CCATAAATCC TTGTGTGTTA ACTTCTAGCT GCCTGGGGCT GGCCCTGCTC AGACAAATCT1260
GCTCCCTGGG CATCTTTGGC CAGGCTTCTG CCCTCTGCAG CTGGGACCCC TCACTTGCCT1320
GCCATGCTCT GCTCGGCTTC AGTCTCCAGG AGACAGTGGT CACCTCTCCC TGCCAATACT1380
45 TTTTTTAATT TGCATTTTTT TTCATTTGGG GCCAAAAGTC CAGTGAAATT GTAAGCTTCA1440
ATAAAAGGAT GAACTCTGG AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1500
AA 1502
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE:1892 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 226:

```
CATAATTCGC TTTAGAGTCA TTTTCCAGC AATGTTTAAA TTACTTTCTC ATTCTTTTAG 60
TGTATTCAAC ATTGTCTGCC TCTTCCTGCA GTTGATGTAA TTGCTTTGTT TGCAATAGCA 120
CAAGCTGCAT TATTCCAGTC AGGACTGTGA TAACTTGCTG CCAGCCCCAC TCAACTTTCA 180
GTTGGCTCTG TGTCACTTTT CCACTCAGTG TTAACACTT GTTACTGCCA TGCTGCTTGC 240
CCTCCCTTGA AGTGTCTATA AGCTCATCAC AGCCTAGAGT TAAGTAAAGT CAATTCACAG 300
AAGACAATT TTGCCCTTTG CGAGACATTG TTGCCTCTAT CTAGTCCTAC AAGTAGGGTT 360
TTGCATACTG TGTTTGCCCC TAGGGTTGTC AGTGCATCAG AAATACTTCT AAATAGTGGT 420
AAAAATGCAC ATGGTTAATG CACATGTTAC TTTTAAATCA TTAGGATATC CCTCACCTGT 480
TCCTGATGAA TAAAAAGTGT GTTAAAGACC AAAATCTTGT GCATAATAAT CAGCTACATA 540
CAAATCACAT ATAGTTTAAAT CTTTTTTTAAAT GGAAAAAAA TCATGTTTAA AATGGCAAAA 600
GCCCATCTTA TACACTTTTA TATAGCTGCA AAAAATTTAT ATCTGTACAG ATCTAACACT 660
ACGACACTCA GTATTCATTT TATTGAAGCA TGCAAGTAAA GCACTTTTTC TAATTTATAT 720
AGAGGTATCT AATTAACACA GCACATTGTA CTAATGACTA GGAGTAGCAG CTTTTTCTTC 780
TCTCCCTCTA TGAATCTTA TAATGTCCCT TTTTCTGTAA GTTTTTGAGA GGCAATTGGC 840
AATTTAGGAG GCAGCAGGGT CTGTTTTGGT CAAATCTTGA ATTCGTTGT TGCACCTAG 900
TGACTGATCT TTGGGAATGT CTTGTCTTTG CATGGGGCTC ATAGAGATGT GTGCAGACTT 960
GCTTATTGTG GTTAGTGTGT ATCAGGAACA CACACACAGG TGTTCTGACC AGCTCAGGCT1020
TGCCACAGTG AGCAACTCTG TGGCTAGCAA AAGAGAAGTT TATTTGTGCC CAGCCATTGG1080
TCACCTTGGG TGATGCACCA GATAGCAGGC AGATGTTGGT TCATTGGCCT TCGTCCTCTT1140
TCCTCCTAAA ATAATATTGG CTTTACCATC TTAACCTCAGC TGTGGGTTTT TTGTGGGTTT1200
TTGTTTGTGTT TTTGGCATGA ATTGTCATCT TTGGTGTTTT TTTAACCCCC AGCCCCCAA1260
AAAAATAAGG CCTCCAGGTA TCAAGATCTC ATATTAGGAT TTTCTGTCCT TAATTTTTTTG1320
AGCAAAATCT GGAAATGTG AAAGCATATT TAGATTTTAT ATACTATCTG AAATGTGATT1380
TGTTAAGATT CTAAATTTG GGCTCTTAG AATAATTTT AATGAGATCT ACCGACTCAC1440
TTGTGAGAAAT ATTTTTCACA GATTATCTTT GGGCCTTTTC ATTAGAAAGC TGTTTGTGTT1500
TCCCCCTGTT GGTACATTTG GTTACCTCAT TTTGCCGTTT CAGATTGTGA AAGCTCACAG1560
GGGTGTTTTT TGGAAATCATT TGCTGAGTCA TTTTCTCAAA TCATATTCCA TTGTATCAGT1620
TAACATATAG TTTTAAATGT ATGTATTATA AATATCTGTA ACCAAATCAT TTGAAGGCTT1680
GATAAATTTT TAACAAAGTT TGTACATTTT TTATGAAAGT TACTAGTAAT GCTTTACTAA1740
50 TGAGTGCAAT GAATTTTAT TTTTAATCCC TGTGCCCAAT TTTGGAGTTG AGAGGGTTGT1800
TGGTAATAAA TGTATGATGT ACACTTAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1860
AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AA 1892
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1522 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 227:

```
25  CAGGAGTGCG GACCAGCGGG TGCCTGTAGT GGGTGGAATT GGGGTCTGCA CTTGCCCCCTC 60
    CGCCCCCAGG TGGGAGTCAC CTGGAGCGTG AAGGGACGTG TCTCATCCCC AGTGTGTCGG 120
    ACCCTGGAGA CACAGCCGCA GAGCAGCCCC TTCTCATGCA TGGACCTCAC CTACGTCAGC 180
    CTGCTACTCC AGGAGTTCGG CTTTCCCAGG AGCAAAGTGC TGAAGCTCAC TCGGAAAATT 240
    GACAATGTTG AGACCAGCTG GGCTCTGGGG GCCATTTTTC ATTACATCGA CTCCCTGAAC 300
30  AGACAGAAGA GTCCAGCCTC ATAGTGGCCG AGCCATCCCT GTCCCCGTCA GCAGTGTCTG 360
    TGTGTCTGCA TAAACCCTCC TGTCTGGAC GTGACTTCAT CCTGAGGAGC CACAGCACAG 420
    GCCGTGCTGG CACTTTCTGC ACACTGGCTC TGGGACTTGC AGAAGGCCTG GTGCTGCCCT 480
    GGCATCAGCC TCTTCCAGTC ACATCTGGCC AGAGGGCTGT CTGGACCTGG GCCCTGCTCA 540
    ATGCCACCTG TCTGCCTGGG CTCCAAGTGG GCAGGACCAG GACAGAACCA CAGGCACACA 600
35  CTGAGGGGGC AGTGTGGCTC CCTGCCTGTC CCATCCCCAT GCCCCGTCCG CGGGGCTGTG 660
    GCTGCTGCTG TGCATGTCCC TGCGATGGGA GTCTTGCTC CCAGCCTGTC AGTTTCCTCC 720
    CCAGGGCAGA GCTCCCCTTC CTGCNAGAGT CTGGGAGGCG GTGCAGGCTG TCCTGGCTGC 780
    TCTGGGGAAG CCGAGGGACA GCCATAACAC CCCCAGGACA GTAGGTCTGG GCGGCACCAC 840
    TGGGAACCTC GGAATTGAGT GTGTTTGCCT CTTCTTGGG TATGAATGTG TGAGTTCACC 900
40  CAGAGGCCTG CTCTCTCAC ACATTGTGTG GTTTGGGGTT AATGATGGAG GGAGACACCT 960
    CCTCATAGAC GGCAGGTGCC CACCTTTCAG GGAGTCTCCC AGCATGGGCG GATGCCGGGC1020
    ATGAGCTGCT GTAAACTATT TGTGGCTGTG CTGCTTGAGT GACGTCTCTG TCGTGTGGGT1080
    GCCAAGTGCT TGTGTAGAAA CTGTGTTCTG AGCCCCCTTT TCTGGACACC AACTGTGTCC1140
    TGTGAATGTA TCGCTACTGT GAGCTGTTCC CGCCTAGCCA GGGCCATGTC TTAGGTGCAG1200
45  CTGTGCCACG GGTGAGCTGA GCCACAGTCC CAGAACCAAG CTCTCGGTGT CTCGGGCCAC1260
    CATCCGCCCA CCTCGGGCTG ACCCCACCTC CTCCATGGAC AGTGTGAGCC CCGGGCCGTG1320
    CATCTGCTC AGTGTGGCGT CAGTGTGGG GCTGAGCCCC TTGAGCTGCT TCAGTGAATG1380
    TACAGTGCCC GGCACGAGCT GAACCTCATG TGTTCACCTC CCAATAAAAG GTTGACAGGG1440
    AAAAAAAAAA AAAAAAACT CGAGCGGAAC GAGCTCACTT TCTTCTAGCT GAGCTTTAA1500
50  ACATTAGAGC TTAAATTTTC AG 1522
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2016 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 228:

```
GAGAAAATGG AGGCCTTTGG GGAAGGGGCA GGGTGGGAGG ATTTCTTCTC CACACAGACC 60
25 TTAACCTTCC AATCTATTCT GCAGATGAAG AATGCCGACT ACTTCTCCAA CTATGTCACA 120
GAGGACTTTA CCACCTACAT TAACAGGAAG CGGAAAAACA ATTGCCATGG CAACCACATT 180
GAGATGCAGG CCATGGCAGA GATGTACAAC CGTCCTGTGG AGGTGTACCA GTACAGCACA 240
GAACCCATCA ACACATTCCA TGGGATACAT CAAAACGAGG ACGAACCCAT TCGTGTTAGC 300
TACCATCGGA ATATCCACTA TAATTCAGTG GTGAATCCTA ACAAGGCCAC CATTGGTGTG 360
30 GGGCTGGGCC TGCCATCATT CAAACCAGGG TTTGCAGAGC AGTCTCTGAT GAAGAATGCC 420
ATAAAAACAT CGGAGGAGTC ATGGATTGAA CAGCAGATGC TAGAAGACAA GAAACGGGCC 480
ACAGACTGGG AGGCCACAAA TGAAGCCATC GAGGAGCAGG TGGCTCGGGA ATCCTACCTG 540
CAGTGGTTGC GGGATCAGGA GAAACAGGCT CGCCAGGTCC GAGGCCCCAG CCAGCCCCGG 600
AAAGCCAGCG CCACATGCAG TTCGGCCACA GCAGCAGCCT CCAGTGGCCT GGAGGAGTGG 660
35 ACTAGCCGGT CCCC GCGGCA GGGAGTTCAG CCTCGTCACC TGAGCACCCCT GAGCTGCATG 720
CTGAATTGGG CATGAAGCCC CCTTCCCCAG GCACTGTTTT AGCTCTTGCC AAACCTCCTT 780
CGCCCTGTGC GCCAGGTACA AGCAGTCAGT TCTCGGCAGG GGCCGACCGG GCAACTTCCC 840
CCCTTGTTGC CCTTACCCT GCTTTGGAGT GCCGGGCCCT CATTAGCAG ATGTCCCCCT 900
CTGCCTTTGG TCTGAATGAC TGGGATGATG ATGAGATCCT AGCTTCGGTG CTGGCAGTGT 960
40 CCCAACAGGA ATACCTAGAC AGTATGAAGA AAAACAAAGT GCACAGAGAC CCGCCCCCAG 1020
ACAAGAGTTG ATGGAGACCC AGGGATTGGA CACCATCTCC CAACCCAGT ACTCCTGCTC 1080
TCCGGTGCCA CCTCACCTTC TTTGGCTTCT TCCCTCTTGC CTCCTTCTGT TCTTTCTGCT 1140
CTCCCTCTT TTCCCTCCTC CTCCTTCCC TCTGGCTAGC CCACCCCTGC ACTCTCTCTC 1200
ATTGCCCGTG CCACTATCAC CTGTCTCTCT GCCAGCTGAT GTGCCCTGTT GCCCCCCACC 1260
45 CCATCCCGCA CAGAACCATC CCTGCATTCC ACAGGGGACT CGGGCAAGGG TGCCGAAGAT 1320
AGACAAGAGG CACACAGAGA CAGACCAACT GGCAGCCAGG CAGCCCCAGA GGAGAGAGAC 1380
ATTAGACAG AGGAAAGTCT CCCTGCCCCCT CATTCTTCC AAGATGAGAA AAATTGCCG 1440
CCACCCCGG ACCTGATGC CAGGGAGGTG GGAGGAAGAA GTGGGAAATT TCCCTTCCCA 1500
GTACCCCAA GAACGTCTGA GCCTTCAATG TTGAATTTT TCTTTATTAA AATTACTTTT 1560
50 ATCTTATAAA ATCAACTAAT CAAAATGAT ATAGACGACA GCACTGGCTC TGTGAAGGTG 1620
GCATCTTTCT GGGCAGGCAG GCCATGGGGC ATGGAGGAGG GTGCAAAGAT ATGGGTTGCT 1680
GTCTTCTGGC CTCCAGCTGC ATGGAGGCCG GCCCAGGGTC TAGGGTGTGC ACTGGGCAAG 1740
GGCAGGGCGG CAGGTGTCAG GCCGGCTTGG ACAATGAAAC CCTGACCTTG CTGCATTCTT 1800
TTTGCTTCCA CCACCACTAG CTTCTTTGGA ATCTTGGGGT GGGGGTCATC TTTGGGGATT 1860
```

ATGGCTGCCA CCCGGGATTT GAGTGTAGGG AGTGTGGGAG CAGCCTTGGC AGAAGGGGCA1920  
CCCGTGCCCT GCAGGTGTTG ACAAGATCCG CCATCTGTAA TGTCCCTGGC ACAATAAAC1980  
CAAATGTCAG TTTCAAAAAA AAAAAAAAAA AAAGAC 2016

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 765 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
10 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 229:

30 CCGGATTCCG CCCCGCCCGC TGCGATCCGG TTCCGCTCCC CACAACCCGC TCTGTGGCGG 60  
GGCTTCCGGT CGGGAGGGTC CGCCAGCTCT CGCGTCCTTT GCTGGGTCCA GACACCGGTT 120  
CCGTTGCAAA CATTTTAAA GGGCTGGTTA TTCTTCCTGA AATGAGTTTG GTGATTAGAA 180  
ATCTGCAGCG AGTCATCCCC ATCAGGAGAG CGCCACTTCG CAGTAAGATC GAGATTGTAA 240  
GGAGGATTTT AGGAGTGCAG AAATTGACC TGGGGATCAT CTGTGTTGAC AACAAGAATA 300  
35 TTCAGCACAT TAATAGAATC TACAGAGATA GAAATGTCCC AACCGATGTG CTTTCTTTTC 360  
CATTTTCATGA GCATCTGAAA GCAGGTGAAT TTCCCCAGCC TGATTTTCCA GATGACTACA 420  
ATTTGGGAGA CATTTTCCTA GGAGTGGAGT ATATCTTCCA TCAGTGATAA GAAAATGAAG 480  
ATTACAATGA CGTCCTGACT GTGACGGCCA CCCACGGACT CTGTCACTTG CTGGGATTCA 540  
CACACGGCAC GGAGGCAGAG TGGCAGCAGA TGTTCCAGAA GGAGAAGGCG GTGCTGGACG 600  
40 AGCTGGGCGG ACGCACGGGG ACCCGGCTGC AAGCCCTGAC CCGGGGCCTC TTCGGAGGGA 660  
GCTGAGGGCC GCGTTCCTTC TGAAAGCGGG ACGCGGGAGG GGTGGAGGCT GCGGGGAGCC 720  
GGGTCGCAC ACAAATAAAT AACGAATGAA CGTAAAAAAA AAAAA 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1611 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 230:

```
CTGCTTGGCG CGACGCTCTA GCGGTTACCG CTGCGGGCTG GCTGGACCGT AGTGGGGCTG 60
CGCGGGCTGCC ACGGAGCTAG AGGGGTAA AACTAATATT TATATGACAG AAGAAAAAGA 120
20 TGTCATTCCG TAAAGTAAAC ATCATCATCT TGGTCCTGGC TGTTGCTCTC TTCTTACTGG 180
TTTTGCACCA TAACTTCCTC AGCTTGAGCA GTTTGTTAAG GAATGAGGTT ACAGATTGAG 240
GAATTGTAGG GCCTCAACCT ATAGACTTTG TCCCAAATGC TCTCCGACAT GCAGTAGATG 300
GGAGACAAGA GGAGATTCCCT GTGGTCATCG CTGCATCTGA AGACAGGCTT GGGGGGGCCA 360
TTGCAGCTAT AAACAGCATT CAGCACAACA CTCGCTCCAA TGTGATTTTC TACATTGTTA 420
25 CTCTCAACAA TACAGCAGAC CATCTCCGGT CCTGGCTCAA CAGTGATTCC CTGAAAAGCA 480
TCAGATACAA AATTGTCAAT TTTGACCCTA AACTTTTGGA AGGAAAAGTA AAGGAGGATC 540
CTGACCAGGG GGAATCCATG AAACCTTTAA CCTTTGCAAG GTTCTACTTG CCAATTCTGG 600
TTCCCAGCGC AAAGAAGGCC ATATACATGG ATGATGATGT AATTGTGCAA GGTGATATTC 660
TTGCCCTTTA CAATACAGCA CTGAAGCCAG GACATGCAGC TGCATTTTCA GAAGATTGTG 720
30 ATTCAGCCTC TACTAAAGTT GTCATCCGTG GAGCAGGAAA CCAGTACAAT TACATTGGCT 780
ATCTTGACTA TAAAAAGGAA AGAATTCGTA AGCTTTCCAT GAAAGCCAGC ACTTGCTCAT 840
TTAATCCTGG AGTTTTTGTG GCAAACCTGA CGGAATGGAA ACGACAGAAT ATAACCTAACC 900
AACTGGAAAA ATGGATGAAA CTCAATGTAG AAGAGGGACT GTATAGCAGA ACCCTGGCTG 960
GTAGCATCAC AACACCTCCT CTGCTTATCG TATTTTATCA ACAGCACTCT ACCATCGATC1020
35 CTATGTGGAA TGTCCGCCAC CTTGGTTCCA GTGCTGGAAG ACGATATTCA CCTCAGTTTG1080
TAAAGGCTGC CAAGTTACTC CATTGGAATG GACATTTGAA GCCATGGGGA AGGACTGCTT1140
CATATACTGA TGTTTGGGAA AAATGGTATA TTCCAGACCC AACAGGCAAA TTCAACCTAA1200
TCCGAAGATA TACCGAGATC TCAAACATAA AGTGAAACAG AATTTGAACT GTAAGCAAGC1260
ATTTCTCAGG AAGTCCTGGA AGATAGCATG CGTGGGAAGT AACAGTTGCT AGGCTTCAAT1320
40 GCCTATCGGT AGCAAGCCAT GGAAAAAGAT GTGTCAGCTA GGTAAAGATG ACAAAGTCCC1380
CTGTCTGGCA GTCAGCTTCC CAGACAGACT ATAGACTATA AATATGTCTC CATCTGCCTT1440
ACCAAGTGTT TTCTTACTAC AATGCTGAAT GACTGGAAAG AAGAACTGAT ATGGCTAGTT1500
CAGCTAGCTG GTACAGATAA TTCAAACTG CTGTTGGTTT TAATTTTGTA ACCTGTGGCC1560
45 TGATCTGTAA ATAAACTTA CATTTTTCAG AAAAAAAGAA AAAAAAAGA T 1611
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1473 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 231:

```
GGTGTGGTCC TCAGGGGGCT GTAGGGTGGG AGGTATGGCT TCAGGTGCCA AGTTGGCGGG 60
AACGGCAGCG AGGAGGCCCTG GGGGGCACTT CGGGCGCCGC AACAGCAGGT ATCCCAATAG 120
20 CTCCAAAACC TATCACGACA GCCATTTGTC TCTTTCCCCT TTCCTTGTC CTTCCTTTTG 180
GGGGTGGGGG AGGAACTCAC GGAGCCAAAG GACTGTGAA GTTCCTAAAC ATGTCTCTTC 240
CACTCTTTGT CTAAACTTTG TAACGTAGAT GCAGCTGACT TTGCCTGTAG CCTCATAGAA 300
CCCATCCCAT GGCTGCAGTG GAAGCTTGCG GTGGCTCTCC AGTGACCAGA GGCATAGTGA 360
GGTCCCAGGG AGGCTCCCTC TGTCTTGCAA CAGTTATTTG TGATCTTTTT CTATGTGCCT 420
25 ATTGTCACAA CAGAGTCCGG CAGCGTCTT TCTTGAGGGA GCAATTTGGA GAAGAGCTGG 480
AACCCAGACT CGCGCCCTGG ATGCCATCCT TTATCATCCA CAGCAATCCC ATCTGGTTGG 540
GAGCACTGCT CTGGGTCTCA CACTGCCCCCT CCTCTATCCT AGGGAGCCTG AGGCCAGGG 600
GTGGAAGAT CCAGTTGCGG GTGGGGGGTA GTGAACCGTG CAGGATAATG AAAGCAACTT 660
GCTTTGGAAA TGACCTACCG CTACCCGTTG TCTGAGACTG AGATTATCTC AGACTGTCTT 720
30 CTGGCTTCTG CCAAACACT CCCTTAACAG AAAGCACCGA GGGGATGGGG GTAGGGGGGT 780
TGGGGAGAGT GAGGCTTGAG TGTGAAGGAA GTCTCATATA TGCAGAGCTG AAATCTCCCT 840
CTTTGTATGT CCACACTTTT GTCTTGTTCT CTAGACTGAT TCTTGCTATT CCAAATCCTC 900
TTCCACGTTG ACAGCCCTTC AGATATTTCA AACTCCTCT CAGCATCCTC CACTTCCCCC 960
ATCTCTCCAA GCTGAACCTG GTTCACAGGG TGGGATTGTG TATGTGCATG CAGGAGGTGG1020
35 GGGTGGACAG TGCCCTGGGC TGGAAATCCCC CTTAGTTCTA AGTGCCTCCT TGCCCGCAGC1080
TTCGAGAGCT GTGCCCAGGA GTGAACAACC AGCCCTACCT CTGTGAGAGT GGTCAGTCT1140
GCGGGGAGAC TGGCTGCTGC ACCTACTACT ATGAGCTCTG GTGGTTCTGG CTGCTCTGGA1200
CTGTCTCAT CCTCTTTAGC TGCTGTTGCG CCTTCCGCCA CCGACGAGCT AAATCAGGC1260
TGCAACAACA GCAGCGGCAG GTGGAATCA ACTTGTTGGC CTATCATGGG GCATGCCATG1320
40 GGGCTGGTCC TTTCCCTACC GGTCACTGCT TTAGCTTCG CTTCTCAGC ACCTTCAAGC1380
CCCCAGCCTA CGAGGATGTG GTTCAACGCC CAGGCACAAC GAGCCCCCCC TTATACTGTG1440
GCCCCAAGGC GCCCCTTGAG GTTGTTCATA GTG 1473
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2503 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 232:

15 GAAACATGCA ACTGAACAGG AAAAACTGA AGAGGGATTA GGCCCTAATG TAAAAGGCAT 60  
TGTCACCATG TTGATGCTGA TGCTATTGAT GATGTTTGCG GTCCACTGTA CCTGGGTCAC 120  
AAGCAATGCC TACTCTAGTC CAAGTGTAAGT CCTGGCCTCA TACAATCATG ATGGCACCAG 180  
GAATATCTTA GATGATTTTGA GAGAAGCTTA CTTTGGGCTA AGGCAAAATA CAGATGAACA 240  
20 TGCACGAGTA ATGTCTTGGT GGGATTATGG CTATCAGATA GCTGGAATGG CTAATAGAAC 300  
TACGTTGGTG GATAATAACA CCTGGAATAA CAGCCACATA GCACTGGTGG GAAAAGCTAT 360  
GTCTTCTAAT GAAACAGCAG CCTATAAAAT CATGAGGACT CTAGATGTAG ATTATGTTTT 420  
GGTTATTTTT GGAGGGGTTA TTGGCTATTC TGGTGATGAT ATCAACAAAT TTCTCTGGAT 480  
GGTTAGGATA GCTGAAGGAG AACATCCCAA AGACATTCGG GAAAGTGACT ATTTTACCCC 540  
25 ACAGGGAGAA TTCCGTGTAG ACAAAGCAGG ATCCCCTACT TTGTTGAATT GCCTTATGTA 600  
TAAAATGTCA TACTACAGAT TTGGAGAAAT GCAGCTGGAT TTTCGTACAC CCCAGGTTT 660  
TGACCGAACA CGTAATGCTG AGATTGGAAA TAAGGACATT AAATTCAAAC ATTTGGAAGA 720  
AGCCTTTACA TCAGAACACT GGCTTGTTAG GATATATAAA GTAAAAGCAC CTGATAACAG 780  
GGAGACATTA GATCACAAC CTCGAGTCAC CAACATTTTC CCAAACAGA AGTATTTGTC 840  
30 AAAGAAGACT ACCAAAAGGA AGCGTGGCTA CATTAAAAAT AAGCTGGTTT TTAAGAAAGG 900  
CAAGAAAATA TCTAAGAAGA CTGTTTAAAT GCACTGTTCT GGTTCCTAAC TTGAAGCAGT 960  
TGTCCTTGTG AGAACCGGTC TTTGCCTTTA GCTCATGTCG TGTTTCACAG CAAAGAGGGT1020  
ACAGAACCAT CACTGGTCCA GGTAAATGTA CAAAATTTTC TGGCAATGCC TGATTAAAAA1080  
AATAAAATTG CTTGTTGAG AACAGCTGTT TTTGATTTCT AATGTGAAGC AAGACAGAGC1140  
35 ACTGCTGTAA ATGTCTAGCA GCAGATTTTT TTTTATTGG TACATATTAT CCTTCAAATC1200  
TGAGAATTTG GACTAACTGC ACCAAAGAAC CCTCTAATTT GGTCCCTGGC ACATGCATAC1260  
TTGTCAATGT TTTTATTCTT TTACAAGACC TGCATTTTAT TTGAATTACC CGAATAGCAA1320  
TATGTAAAT ACAAGTGACA AAATGTGATG AGAGCTTCTT GAACCGGTAA ACTAGTACAG1380  
GTCTGAGAAA GACATATTAG AAGAATCATT ATACTTCCTT GAATTATATT TATTTTCATG1440  
40 TTTCTCTAAT GCAAAGAATG TTTTCATCAA TGTATATTTT CTGTTGCTTA CTGTTTGCTC1500  
TGAGAAGAAG CTGCTGTTTC AAAGATGGAC CTCTGAGTAG CTAATTGATT CAAGTAGTTT1560  
TTTTATGTTG ACACATTATT ACTGCTGTTA GCAGTCGTTT TCACCAGGTA CTTACAGAGC1620  
AGATTTTATA CATCATTCAT TCAAGGGCTA AATTTATATT TTTTGGAAAT CATGGCAACT1680  
ACACAGGATG TTGCTTACCA GGACGGAGTT TTGGTATCTT AGTACTGAAG TTAGCACTAT1740  
45 GTTTACATGC AAAAGATTAA GGAAAAAACC CTTAAAGTGG ACAGGTATCC AAAGTTCATT1800  
TTCTGTGACT CATCAAAGTG ACAAAGACT TGTAACAACT TTGCCTGGAC TTTTTCATT1860  
TTACAACAGT TCATCCATTC ACAATGATTT TGTTCTCTGC TCCATATTTT TTAATCCCTT1920  
AAGCATTTGA TGAAACACTC TTTAGTGCTA TATGCATTTT CTTACTTTTG TTAATAATGT1980  
GACAATTGTC AAAAAATGCA CTAATAATGTA AATGGAGATT GAACAAGTTC ACTTCCAGC2040  
50 TTATAGGCAA CTTTATACAG ACTTGAACAT TTTCTCCAGT TGTTTAGTAA AAGTGAAAGA2100  
GAAAGGGTTT TTCCTGCCAC AGGATATAAC TTTTTTTTAT ATAACAAGCA TAACACACCA2160  
CTGCTTTTGG TGGAAAAGTG CAGAATAGTA TGTACCTTTT ATGAAGAAAA ATGTAATTTA2220  
CAATATTAGT TGAGAATGTT ACTGCTGATT TTCTTTTCCA AGGTGTAGAA TATTCTTTGA2280  
TTTATAGAAT TCATTTTTGA CCCAGATGAT GGTTCTTTTA CAGAACAATA AAATGGCTGA2340  
55 ACATTTTCAC AAATAGAGTG TAACGAAGTC TGGATTTCTG ATACCTTGTC ATTTGGGGGA2400

TTTTATTTTA CTTTGTGCT TTAAATTCA ATGCAGAGAA GTTGTGACT GTAGGGGAAA2460  
TAAAGTTAAT TCAAATTTTG AAAAAAAAAA AAAAAAGTCG ACG 2503

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1756 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 233:

AAGCAACCTC GTTTATGTCT TATCTTTGCA TTTTCCTGTA TTCAGCTATT TTCTTAAAGG 60  
AAGGCCCAGG TCTGTATTAT CCTACTGCCA CATAGGAAGT AAAATGAGTA CTCACAGCCT 120  
TGCGCCTAAT CACTGAACAC AGCTTTTAGT AATGTTTAC ACAAGAACAG GATATTGGCA 180  
ACTCAACTGT TAAGCCTTTC TGTGATTATT CTCCTTGAG ATCACTCTGA TGTCACCAGT 240  
GTAATTTGAG CCTGGAGCTT TTGTTACAC TTTAAATAGC AGTCCCAGAA TGATTTCACT 300  
ACAGACTCTC TGGAAAGCCT GGGAGCTGAA TTCCGGAAGA TCCCCACATC GATGAAAGCA 360  
AAGCGAAGCA CCAAGCCATC ATCATGTCCA CGTCGCTACG AGTCAGCCCA TCCATCCATG 420  
GCTACCACTT CGACACAGCC TCTCGTAAGA AAGCCGTGGG CAACATCTTT GAAAACACAG 480  
ACCAAGAATC ACTAGAAAGG CTCTTCAGAA ACTCTGGAGA CAAGAAAGCA GAGGAGAGAG 540  
CCAAGATCAT TTTTGCCATA GATCAAGATG TGGAGGAGAA AACGCGTGCC CTGATGGCCT 600  
TGAAGAAGAG GACAAAAGAC AAGCTTTTCC AGTTTCTGAA ACTGCGGAAA TATTCCATCA 660  
AAGTTCAC TGAGAGAGAG GATGGATAAG GACGTTATCC AAGAATGGAC ATTCAAAGAC 720  
CAAGTGAGTT TGTGAGATT TAACAGATGC AGCATTTTGC TGCTACCTTA CAAGCTTCTC 780  
TTCTGT CAGG ACTCCAGAGG CTGGAAAGGG ACCGGGACTG GAAAGGGACC AGGACTGAAC 840  
AGACTGGTTA CAAAGACTCC AAACAATTTT ATGCCCTGTG CTGTTACAGA GGAGAACAAA 900  
ATGCTTTCAG CAAGGATTTG AAAACTCTTC CGTCCCTGCA GGAAAGGATT GATGCTGATA 960  
GAAGAGCCTG GACAGATGTA ATGAGAATA AAGAAAACAG ATGGCTGGAG ATGACATTTA 1020  
TCCAGGGTCA CTTTGT CAGG CCCTAGGACT TAAATCGAAG TTGAAC TTTT TTTT TTTT 1080  
AACCAAATAG ATAGGGGAGG GGAGGAGGGA GAGGGAGGAC AGGGAGAGAA AATACCATGC 1140  
ATAAATGTT TACTGAATTT TTATATCTGA GTGTTCAAAA TATTTCCAAG CCTGAGTATT 1200  
GTCTATTGGT ATAGATTTTT AGAAATCAAT AATTGATTAT TTATTTCAC TTATTACAAT 1260  
GCCTGAAAAA GTGCACCACA TGGATGTTAA ATGAGAAATC AAGAAAAGTAA GATGCTCTCA 1320  
GCAACTCAGT AAAACCTTAC GCCACCTTTT GGTGTTGTAAG AGGTTTTTTA TACATTTCAA 1380  
ACAGGTTGCA CAAAAGTTAA AATAATGGGG TCTTTTATAA ATCCAAAGTA CTGTGAAAAC 1440  
ATTTTACATA TTTT TTAAT CTTCTGACTA ATGCTAAAC GTAATCTAAT TAAATTTTCAT 1500

ACAGTTACTG CAGTAAGCAT TAGGAAGTGA ATATGATATA CAAAATAGTT TATAAAGACT1560  
CTATAGTTTC TATAATTTAT TTTACTGGCA AATGTCATGC AACATAATA AATTATTGTA1620  
AACTTTGTGA AAAATAGTCT GTGATGCTTG GTCTCAAAGG AAAAAATAAG ATGGTAAATG1680  
TTGATATTTA CAAACTTTTC TAAAGATGTG TCTCTAACAA TAAAAGTTAA TTTTAGAGTA1740  
5 AAAAAACGG CTCGAG 1756

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1286 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 234:

GCCTAGGATC CCTGTGACCC TCAACATGAA GATGGTGATG CCCTCCTGTC AAGGCCTTGA 60  
TTGAGCATGA AATGAAGAAC GGGATCCCTG CCAATCGAAT CGTCCTGGGA GGCTTTTCAC 120  
AGGGCGGGGC CCTGTCCCTC TACACGGCCC TCACCTGCCC CCACCCTCTG GCTGGCATCG 180  
35 TGGCGTTGAG CTGCTGGCTG CCTCTGCACC GGGCCTTCCC CCAGGCAGCT AATGGCAGTG 240  
CCAAGGACCT GGCCATACTC CAGTGCCATG GGGAGCTGGA CCCCATGGTG CCGTACGGT 300  
TTGGGGCCCT GACGGCTGAG AAGCTCCGGT CTGTTGTCAC ACCTGCCAGG GTCCAGTTCA 360  
AGACATACCC GGGTGTGATG CACAGCTCCT GTCCTCAGGA GATGGCAGCT GTGAAGGAAT 420  
TTCTTGAGAA GCTGCTGCCT CCTGTCTAAC TAGTCGCTGG CCCAGTGCA GTACCCAGC 480  
40 TCATGGGGGA CTCAGCAAGC AAGCGTGGCA CCATCTTGGA TCTGAGCCGG TCGAGCCCT 540  
GTCCCCACCC TTCCTGACCT GTCCTTTTCC CACAGGCCTC TGGGGGCAGG TGGCAAGGCC 600  
TGGCCGGGCC TTCCTTCCTG GCCTTAGCCA CCTGGCTCTG TCTGCAGCAG GGGCAGGCTG 660  
CTTTCTTATC CATTTCCCTG GAGGCGGGCC CCCCTGGCAG CAGTATTGGA GGGGCTACAG 720  
GCAGCTGGAG AAAGGGGCCC AGCCGCTGAC CCACTCACTC AGGACCTCAC TACTAGCCC 780  
45 CGCTTTGGGC CCCCTCCTGT GACCTCAGGG TTTGGCCCAT GGGGCCCTCC CAGGCCCTG 840  
CCCCAACTGA TTCTGCCAG ATAATCGTGT CTCCTGCCTC CACTCAGCTG CTTCTCAGTC 900  
ATGAATGTGG CCATGGCCCC GGGGTCCCCT TGCTGCTGTG GGCTCCCCTGT CCCTGGGCAG 960  
GAGTGCTGGT GAGGAGGTGG AGCCTTTTGA GGGGGGCCTT CCCTCAGCTG TTTCCCCACA1020  
CTGGGGGGCT GGGCCCTGCC TCCCCGTTAC CCTCCTTCCC TGCAGGCCTG GAGCCTGTAG1080  
50 GGCTGGACTG AGGTTCAAGT CTCCCCCAG CTGTCTCACC CCCACTTTGT CCCCACTCTA1140  
GAGCAGGGAG GCAGTGGGGG AGGAGTTGTG TCTCGTCTTC TGTCTCCATG TGGTTTTTGG1200  
GTGTTTTTCT TGTTGTGTCC TGGATTCCGA TAAATTAA GAAATTGCTT CCTCAAAAAA1260  
AAAAAAAAA AAAAAAAGT CGACGC 1286

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1230 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 235:

```
ATTCGGCAAC GAGGTGAGAA AATCCCTTTT AAGGCCAAGG AAAGCTGAAT GCTAGCAGCC 60
AGGCCTGTGG TACTTCCATG AGAAACCATA GCAGACAATG CCCTCCCAAG TACTGAAATC 120
ACACTGGAAT CCCCTTGTT GGGTTCATTT GATTGTTTAA CACAGGATGT GTTGTGTCAT 180
TCTGAAGTTT TTATTTGGGG CAGAAGTCTT TATGGAGATG TAAATGACAG CGTTTCTGGG 240
TTATGCATAA CTTCTCACTG GTCAGAGACA CCGGTGTGTC AAGCATGGAT ATTGCATTGC 300
AAGACTTGAA TCTATAAAAA TTAGAATCAC ACAGTCAGTA CTACAAGCAA AACAGAGAAC 360
CTGAAAGAAG GTGCACAGAC TGTAAGAAAA AACCCAAGTT TGTGATATTT CAGTGATTCC 420
AAAGAACATT CTAGGTTTTT TGTGTTTTTT TTTGTTTTTT GGGTTTTTTT TTTTACTGCA 480
GAAAATTGGT GGTATTTTCA CATTCTATAGT GTTCTATCC AATTTCAGTA CCCACATTTA 540
ATGAGGAAAA AATGTTTTAC CAATGAAGGA GGAATTCTTA AATTAGCTGT AATGTTAGGT 600
TGGAGAAAAA TTGGTATTTA GGGTATTTTC AAGGTACCAT CAAATCAGAT TTCTGTTTTT 660
TTGTTAAAAA AAATTTTTTT AATCAGTATT GTTTTTACAA GTAATATACT TTGAAACTCT 720
TGAACATAA GTCTCAAAAA CTCTAGAGGA CAGTCTGAGA ACACGTATTT CTATTGTTCT 780
AAATAAATAC ATGTTTTTGA ATAGTTCAAT CATGAATTAT TGACTATGTC TTCATCAAAA 840
GTGTTAATCC CTCTCAGGGT CTCTGGTGAA GACCTTCAAG AGTTTGTTTT TTTCTCCAG 900
GAAATTGGAA GGTAGAATTG TAAATTCATA GAACTTCTTT TATAATGGTG TACCTCAGCA 960
GCTGCCTTTC AATTTATGCC AAGTCCTTAC AGAGTTTATA CTTGAATAGT AAATATGTCT1020
TCTGAGTTT ACAGTGTCTT AAACCTCAATG CACATTTTTT TTTCTTCTTT TTCCACCCCT1080
TCTGTTTGT AGTTCATTAT ACCTGTCCTA TTACAGAACT GATTTCTTTC CTGGCTGTAC1140
ATGTTGGGGT GCTGGATTTT TTTCCGTGTC TTAGTCTTC GGATACATGT TCTCTTCTTT1200
AGCTTGTTGGT GAATACAGTA ATTTGCATTG 1230
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2328 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 236:

```

TGAGAGTTTA GTTGTAGCAG AGGGGCCACA GACAGAAGCT GTGGTGGTTT TTACTTTGTG 60
CAAAAAGGCA GTGAGTTTCG TGAAGCCTGG AAGTTGGCCA TGTGTCTTAA GAGTGGCTGG 120
ACTTTGACAT GTGGCTGTTT GAATAAGAGA AGGACAAAGG GAGGAGAAAG CACATGTGCT 180
25 CCAGTGAGTC TTCGTCACCT TGTCTGCCAA GCAATTGATA TATAACCGTG ATTGTGTCTC 240
TGCTTTTCTT CTGAAATGTA GATAACTGCT TTTTGACAAA GAGAGCCTTC CCTCTCCCCC 300
ACCCCTGTGT TCTTGGGTAG GAATGGGAAA AGGGGCAACC TACAAAGATT GTTGGGGCAA 360
GGGAAGTCAC AAGCTTTCGG ATGGGCGGTG GCTTTTCACA AAACATTTAG CTCATCTTAT 420
TCTCTCTTTG TCCTCTCTCC CCTCCTGCCC GCCCGCACCC TGGAATTGCC ACTCAGTTCC 480
30 TCTGGGTGTG CACATATGTT TGGAGAAATA GAGGAGAGAA AAGAGGGCCA CGTAACTGAG 540
AGCTTACAGT GCCAATGCCG TTTGTGTTCT GGCCAGAGTG GAGTGCGCAG CCTGACTCCC 600
AGGCGCTGAG ATTGTTGCC TGGTTACCCAG GAAGCTGCTG TTCCGGCTGC CCAGCCTTTC 660
TCTGAGCCAG CGGATGCACA GTCCGTGGCC TTCTTCAGGC TTATTGATGA TGCTTTTTGC 720
AAATGTTGAA TCATGGTTCT GTTCTAAGT TGGATCTTTT TTGTTTTCTC CTTGCCACCC 780
35 TAATTTGACA TCAAAATTCT CTCTTGTCGA TTGGGCCCTG GGTCATTCAA ACCCAGGTCA 840
CCTCATTCCC CTTCTCTGTT CACACCTAAT GTCTTGAAGA GTAGGTAGCA GCAGTGTGGG 900
CTGAACCTAG GCCAGCTTGC TTAGCGGGTC ACCCTGCTGT GAAGTCCTGG CAGGTGTTGG 960
TAATGTGTGG AAATGCAGTC AGCAAGTTTG CTGGGGAGTT TGATAAAAGT ATAAACAAA1020
ACAAAAAAG CCTCGGTATA ATTTTGTTC ACGACTTCTT CTGTAGCTTT ACACCAGAAG1080
40 GAAGGAATGG GCTACAGCAG GTAGTGGAGG AAGAGGGGGG TGAGCAGGTG TATTAATAA1140
GCTTACGGGT AAGGCCTAAA AGGTCACCCC TCGGCCCCCT CTCCAAAAGA AGGGCATGGG1200
CACCCCCAGG AGAGGATGGC CCCAAAACC TTATTTTAT ACATGAGAGT AAATAAACAT1260
ATTTTTTTTA CAAAATAAC TTCTGAATTT ATCAGTGTTT TGCCGTTAAA AATATTCCTC1320
TATAGTAAAT TATTTATTGG AAGATGACTT TTTTAAAGCT GCCGTTTGCC TTGGCTTGGT1380
45 TTCATACACT GATTTATTTT TCTATGCCAG GCAGTAGAGT CTCTCTGCCT CTGAGGAGCA1440
GGCTACCCGC ATCCCACTCA GCCCCTCCCT ACCCTCAAG ATTTGATGAA AATTCCAACC1500
ATGAGGATGG GTGCATCGGG GAAGGGTGAG AAGGAGAGCC TGCCTGCTCA GGGATCCAGG1560
CTCGTAGAGT CACTCCCTGC CCGTCTCCCA GAGATGCTTC ACCAGCACCT GCCTCTGAGA1620
CCTCGCTCTC TGTTCAGCA ACCCTGGTTG GGGGGTCAGA CTTGATACAC TTTAGGTTG1680
50 GGAGTGGACC CACCCAGGG CCTGCTGAGG ACAGAGCAGC CAGGCCGTCC TGGCTCACTT1740
TGCAGTTGGC ACTGGGTTGG GGAGGAAGAG AGCTGATGAG TGTGGCTTCC CTGAGCTGGG1800
GTTTCCCTGC TTGTCCAGTT GTGAGCTGTC CTCGGTGTTA CCGAGGCTGT GCCTAGAGAG1860
TGGAGATTTT TGATGAAAGG TGTGCTCGCT CTCTGCGTTC TATCTTCTCT CTCCTCCTT1920
TTCCTGCAAA CCACAAGATA AAGGTAGTGG TGTGTCTCGA CCCCATCAGC CTCTCACCA1980
```

CTCCCAGACA CACACAAGTC CTCAAAAGTT TCAGCTCCGT GTGTGAGATG TGCAGGTTTT2040  
TTCTAGGGGG TAGGGGGAGA CTAAAATCGA ATATAACTTA AAATGAAAGT ATACTTTTTTA2100  
TAATTTTTTCT TTTTAAAAC TGGTGAAATT ATTTTCAGATA CATATTTTAG TGTC AAGGCA2160  
GATTAGTTAT TTAGCCACCA AAAAAAAGTA TTGTGTACAA TTTGGGGCCT CAAATTTGAC2220  
5 TCTGCCTCAA AAAAAAGAAA TATATCCTAT GCAGAGTTAC AGTCACAAAG TTGTGTATTT2280  
TATGTTACAA TAAAGCCTTC CTCTGAAGGG AAAAAAAAAA AAAAAAAA 2328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1767 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 237:

TGTGACATTG TCCTGAGGTT CATCCGCTA AATTATTATT AGCCATCCCT TACCAAATAT 60  
TTCAAACCAG GCAAATGACT TCTGGAAGAG AGAGAAAGGA AGGGGAGAGG GAGGGAGAAT 120  
35 ATGAGTAAGC AAGCAGGGTC ATATGGTTAA ACATGGAATT TTTTAAAGGA GTTATTACAA 180  
GTGGGAGTCA AATAGAACTG TGGTAGAATG CTTTGGGTAC AGGAATATGT TATGCAATAA 240  
AGTGAGGAAG AGAAAAAGGG AATAAGAAGG GAGGAATGTA ACTAGAGCAG CTCCCAACAG 300  
TTTGCCATAG TATTTGCCAG CACCAAATT CGTAGAGTAA GCCACTTACA TTCCACTGC 360  
TAGTATTAAG GAAAGACAGC AGTGGTGATT CTTATAAAGT GAGTATACAT TTATTCTTAT 420  
40 TCTGATATGT GAATTTTTCT TTCACCAGTT AATTAAC TGG TAATTTGTAA ACAGTGGGAA 480  
GAAGATTAGA ACAATTATGG AGGTACTGAA TTACACAAGG AGATTAAAAT GAAATGAATC 540  
AAACTAACCA CAAGATAGGT AGATTGATTC ATTTTATTTT AATCTCCTTG TGTAATTCAG 600  
TACCTCCATA ATTGTTCTAA TCTTCTTCCC ACTGTTTACA AATTACCAGT TAATTAATC 660  
GTGAAAGAAA AATTCACATA TCAGAATAAA AATAAATGTA TACTCACTTT ATAAAAATCA 720  
45 CCACTGCTGT CTTTCTTAA TACTAGCAGT GGAAATGTAA GTGGCTTACT CTACAAATTT 780  
TGGTGCTGGC AAATACATAG GCAAAC TGT GGGAGCTGCT CTAGTTACAT TCCTCCCTTC 840  
TTATTCCTT TTTCTCTTCC TCACCTTTAT GCATAACATA TTCCTGTACC CAAAGCATT 900  
TACCACAGTT CTATTTGACT CCCACTTGTA ATAACCTCCT TAAAAAATTC CATGTTTAAC 960  
CATATGACCC TGCTTGCTTA CTCATATTCT CCCTCCCTCT CCCCTTCCTT TCTCTCTCTT 1020  
50 CCAGAAAGTCA TTTGCCTGGT TTGAAATATT TTGTAGGGAT TGCTTATTAT ATTATTTTAG 1080  
CTGATGAACC TCAGGACAAC GTCTACACAC ACACACATAC ATACACGCAC ACAAATCTC 1140  
AGCTGTTGAA GAGTGGGCTT GGAATCAGAC TTCTGTGTCC AGTAAAAAAC TCCTGCACTG 1200  
AAGTCATTGT GACTTGAGTA GTTACAGACT GATTCCAGTG AACTTGATCT AATTTCTTTT 1260

GATCTAATGA ATGTGTCTGC TTACCTTGTT TCCTTTTAAT TGATAAGCTC CAAGTAGTTG1320  
CTAATTTTTT GACAACTTTA AATGAGTTTC ATTCATTCT TTTACTTAAT GTTTTAAGTA1380  
TAGTACCAAT AATTTTCATTA ACCTGTTCTC AAGTGGTTTA GCTACCATTG TGCCATTTTT1440  
AATTTTTTATT TAATTTTTATT TGCTTGAGCA CACTGATCAA CCACTGAACT GCCTTCTTCC1500  
5 ATTGTCCTGC AATGATATAA GGGTTACATT TTTGTGTATA TGGCTTTTCAT AGTTGGGATT1560  
TCAGAGCACT GATACCAGAT ATTTTCAGTT TGTTCCTCTGG GGAATTTTCA TTTGCATCTA1620  
TGTTTTTAGC TATCTGTGAT AACTTGTTAA ATATTAAAAA GATATTTTGC TTCTATTGGA1680  
ACATTTGTAT ACTCGCAACT ATATTCTGT AAACAGCTGC AGTCAAAAAT AAAACACTGA1740  
AAGTTTTTCAT TTTGCAGTGG AAAAAA 1767

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:2311 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 238:

CATCGCCTTC ACCGGCGGCG GCAACATCGT GGTGGCCACG GCGGACGGCA GCAGCGCGTC 60  
GCCCCGTGCAG TTCTACAAGG TGTGCGTGAC GTGAGTGAGC GAGAAGTGCC GTATCGACAC 120  
GGAGATCCTG CCCTCCCTGT TCATGCGCTG CACCACCGAC CTCAACCGCA AGGACAAGTT 180  
CCCCGCCATC ACCCACCTCA AGTTCCCTGGC CCGGGACATG TCGGAGCAGG TGCTTTTGTG 240  
40 CGCGTCCAGC CAGACCAGCA GCATCGTGGA GTGCTGGTCC CTGCGCAAGG AGGGACTCCC 300  
CGTGAACAAC ATCTTCCAGC AGATCTCCCC CGTGGTTGGC GACAAACAGC CCACAATTCT 360  
CAAATGGCGG ATCCTATCGG CCACCAACGA TCTGGACCGT GTGTCGGCCG TGGCGCTGCC 420  
CAAGCTGCCC ATCTCGCTCA CCAACACCGA CCTCAAGGTG GCCAGCGACA CACAGTTCTA 480  
CCCTGGCCTC GGGCTGGCCC TGGCCTTCCA CGACGGCAGC GTCCACATCG TGCACCGGCT 540  
45 CTCATGCGAG ACCATGGCCG TCTTCTACAG CTCCGCGGCC CCGAGGCCTG TGGATGAGCC 600  
GGCCATGAAG CGCCCCCGCA CCGCGGGCCC CGCCGTCCAC TTAAAGGCTA TGCAGCTATC 660  
GTGGACGTC CTGGCCCTGG TGGGGATTGA CAGCCACGGG AAGCTGAGCG TGCTCCGCCT 720  
CTCACCTTCC ATGGGCCACC CGCTGGAGGT GGGGCTGGCG CTGCGGCACC TGCTCTTCCT 780  
GCTGGAGTAC TGCATGGTGA CCGGTACGTA CTGGTGGGAC ATCCTGCTGC ACGTGCAGCC 840  
50 CAGTATGGTA CAGAGCCTGG TGGAGAAGCT GCACGAGGAG TACACGCGCC AGACCGCTGC 900  
CCTGCAGCAG GTCCTCTCCA CCCGGATCCT GGCCATGAAG GCCTCGCTCT GCAAGCTGTC 960  
GCCCTGCACG GTGACCCGCG TGTGCGACTA CCACACCAAG CTCTTCCTCA TCGCCATCAG1020  
CTCCACCCCTG AAGTCGCTGC TGCGCCCCCA CTTTCTCAAC ACGCCTGACA AGAGCCCCGG1080



```

CGACCGGCTG ACCGAGATCT GCACCAAGAT CACCGACGTC GACATTGACA AGGTCATGAT1140
CAACCTCAAG ACGGAGGAAT TTGTGCTGGA CATGAACACA CTGCAGGCGC TGCAGCAGCT1200
CTTGCACTGG GTGGGCGACT TCGTGCTGTA CCTGCTGGCC AGCCTACCCA ACCAGGGTTC1260
CCTGCTGAGG CCGGGCCACA GCTTTCTGCG GGACGGCACC TCGCTGGGCA TGCTTCGGGA1320
5 ATTGATGGTG GTCATCCGCA TCTGGGGCCT TCTGAAGCCC AGCTGCCTGC CCGTGTATAC1380
GGCCACCTCG GATACCCAGG ACAGCATGTC CCTGCTCTTC CGCCTGCTCA CCAAGCTCTG1440
GATCTGCTGT CGCGATGAGG GCCCAGCGAG CGAGCCGGAC GAGGCGCTGG TGGATGAATG1500
CTGCCCTGCTG CCCAGCCAGC TGCTTATCCC CAGCCTGGAC TGGCTGCCAG CCAGCGACGG1560
CCTGGTTAGC CGCCTGCAGC CCAAGCAGCC CCTTCGTCTG CAGTTTGGCC GGGCGCCCAC1620
10 GCTGCCTGGC AGTGCTGCCA CCCTGCAGCT CGACGGCCTC GCCAGGGCCC CAGGCCAGCC1680
CAAGATCGAC CACCTGCGGA GGCTGCACCT TGGCGCTTGC CCCACGGAGG AATGCAAGGC1740
CTGCACCAGG TGGGGCTGTG TCACCATGCT CAAGTCGCCC AACAGAACCA CGGCGGTGAA1800
GCAGTGGGAG CAGCGCTGGA TCAAGAACTG CCTGTGCGGT GGGCTCTGGT GGCGGGTGCC1860
CCTCAGCTAC CCCTGAGCCC AGCTGCCCCCT CAGCTACTCC TCAGCTACCC CTCAGCTGCC1920
15 CCTGAGCCCG GCTGCTGCAA GAGCCACCGC TCGCCCTGGA CTCTCCTCGG CGCGGTTAAC1980
CTCAGCCCGC CCTGCAGGGC TGTTGAAGGC CGTGGGCGCG ACGCCTGCGT GACCAGCAGA2040
GCTTCTGAGG AAGCCCTGCG CTTTGTCCAG CTGGGCCCCG AGTCCACACA CCACTCTCCC2100
AGGACCCCCA GATCCCTGGA CCATCTGCAT CCAGAGGACC GTCCGTGACG GCCGGGGGTC2160
CAGGCGGACC TTGTGGTGAC CCGGCTCGGG CGTCTCCTCG GTTTCCTTGC CTCACCCGCG2220
20 GAGAGCGCTG AACCTGGACA AGCAGCGGCT GGAAGGACA GGTCCAATAA ACGCCCTCTG2280
CGCCAAGAA AAAAAAAAAA AAAAAAAGG G 2311

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

## 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1772 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 239:

```

TGGGCGCTGT AGTCCGGCCG GAACCTGTTT GCGACCCCGA GTCCCATGAC ACCGCTTCTC 60
CTCACACCCC AGTCCGCAGT GCCCCTCCCC AGCCTCGGCC GGGCCTCCCG GGAGCCGGGC 120
50 GTGGCGTTCC AGCTAGTGAG CCGTTTCTCC CCTGGGCTCG GAGGCGGAAG CTTGAGGGGC 180
GCGGGGAGGA GCTTCGCGTG CGGGGTGAAC GCCGCTCTA CGTGCTCGTT CTCTTCGCGA 240
CCGCTGCGCG CGAGCCCCGT GTCCCCACGG CGGGCAGCAG CGCCGGCGGC GCGGCTGAA 300
CGCGGAGGGG GCGGAGGGAG CCCGCGGCGG CGGCAGCAGC TACAGCGAAA TGGCGGAGAC 360

```

CGTGGCTGAC ACCCGGCGGC TGATCACCAA GCCGCAGAAC CTGAATGACG CCTACGGACC 420  
CCCCAGCAAC TTCCTCGAGA TCGATGTGAG CAACCCGCAA ACGGTGGGGG TCGGCCGGGG 480  
CCGCTTCACC ACTTACGAAA TCAGGGTCAA GACAAATCTT CCTATTTTCA AGCTGAAAGA 540  
ATCTACTGTT AGAAGAAGAT ACAGTGACTT TGAATGGCTG CGAAGTGAAT TAGAAAAGAGA 600  
5 GAGCAAGGTC GTAGTTCCCC CGCTCCCTGG GAAAGCGTTT TTGCGTCAGT TCCTTTTAGA 660  
GGAGATGATG GAATATTTGA TGACAATTTT ATTGAGGAAA GAAAACAAGG GCTGGAGCAG 720  
TTTATAAACA AGGTCGCTGG TCATCCTCTG GCACAGAACG AACGTTGTCT TCACATGTTT 780  
TTACAAGATG AAATAATAGA TAAAAGCTAT ACTCCATCTA AAATAAGACA TGCCTGAAAT 840  
TTGGCAAGAA GGGGCAAAAA CGTGACTATT AATGATTGAT AAGCACCAGT GAAGAAGTTC 900  
10 TAACTTTTAG CATGCTGCAC AGAAACTGGT ATAACATGCC TTCAGTATAC TAACACTCAT 960  
ATGCTCAGTT TTGTTTTGTT TTGGCAGTTG ACAAGAAGTT AATTTGCTTT AGTAAAAATC1020  
CCTCATTCCA GCCTTTCTAT ATAAATAGCT CTTTCTTGCT GTTTTAATGT GGTGCACACT1080  
ATAGCCTCAC AAACCTGTTA TTCCAGTGTA ATCTGCAGTG TCGTAACTAA AGTTACTGGC1140  
TTGGTCTTAT TTGCACAGTT TTTGCGTCTT GTTTGCTTCT TGCATCTGAT TAACTAGAAT1200  
15 ATTTCTCTTT CCCCCTTTTA ATTTGTGATG TCACTTGACC CCATTTATGT GTAGGAGCAC1260  
TACACCATTG GTTTCCAATA CTGCACACAT AAGATACATA CTTGTGTGCA GAAAGTATCT1320  
TCCTCCAGGC TTGTAATACC CTTACATGG AAGATTAATG AGGGAAATCT TTATATTCTG1380  
TATAAAAACA AAAGCAAATT TATATACTAA AATCATTGT CTAAAAATTT AAGTTGTTTT1440  
CAAATAAAAA TTAATATGCA TTTCTGATAT GCACTGATTG TGTTGCCTCC AGCTTTTTTT1500  
20 GCTCTCTATG AGTGACTACT TAAGTCACTT GTTGAGAGGG ATTATTTACT AATTATATAC1560  
TTCTCATTCC TGTAACCTCA TTCCCTTTAA ACAGTGGTGA TATCAAATAT ACTTCCATCC1620  
ATTGAATGGG GTATTTTAA CAACAACAAA AGTGATATAC TAAAAAATGT ATTGCTTAAG1680  
GCTTATTGAA TCATTTTGAA GCACTTTGTG TATTTGAAAA CTGCTTTATA ATCTCATTTA1740  
TTAAAAGGAC TTTCAAAGAT AAAACCAAAA AA 1772

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2409 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 240:

TCTGTATCTT CCTTGCCCTC AAATACCCTG AGGTGATAAA CTGTTCCAGT TGTAGCCAAC 60  
TACCACTGCG CCCGGCCTTA AATAAAATAT TGTAGTCATT AATGGTGTGT TTGAATTGAA 120  
GAGATACCAG GAGATAGAGG TGAAGTGCAG TACTTTTATT CTTTAAGAAT ATAGTCTTTA 180

GCCAGGTGCA GTGGTGTGTG CCTGTAGTCT CAGCTATTTG AGAGGCTGAG GTGAGAGGAT 240  
CACTTGAGTT CAGGAGTTCA AGACCAGCCT GGGCAACATA GCAAGTCCCT GGCTCAAAAA 300  
AAAAAAAGTT TCCCATTCAAT ATTAAGTCCA TCTTTTAAAA ATGTCATGAT TACAAAGTGA 360  
AAAGATTTGG CTTTCTTAGA GGCTCAATCA CAGAGGTGAA AGTGACCTTG GAAATCATAT 420  
5 ACTCTATCCC CATGTTACAC AGATTAGAAA AACTGAGGTT ATGGCACTGA CTTAGGCACC 480  
CCCCAGCAAG GCAACCCAGG GACTACAACCT GGCAATCCCA ACTCCTGGGC TAGGGCTTTG 540  
TCTACCTTTT TTTGCATTGG CCTCTTAAAG AGGCAATGAA TACTAATTCC TGGCATCAGA 600  
AAAAAAGAAA GGCAATGAGG GGGAGGATTC TTTTTCCTT GATGGGAAAC AGTGAATAAG 660  
AAAAATCTCA TCATTTCGATG GAAGAGGTGA CTTAATAATT TTATTAATGA ATTTGATGTC 720  
10 CCATGTTTTG TAGTTTTGTT ATCATTGAAC CATTGGGGCT GGAATCTGCC TAAATAATTT 780  
TATCTTGGTA GCCAGCAATT ATGTTGGTAT TTTATGTGGG CCTTCCCAGA TTTTCATATT 840  
AATGAAATGA CTAATAGTCG TACTTAAGAG GTAACCTCTAC TAAAGCAGAA TGAGATCTAA 900  
TATGTTGTGG AAATAAAGA GTTTCAGTG GAATGATACT CTCACTCCGT GCTTGTAATA 960  
TTGAGTTCTA TTCAAGACGG AACTGCTATG ACTGGCCTAT TCAAGGCTTC ATATTTTTAT 1020  
15 ACAGACTATT TCACAGACCA TAGATTTATT TTTAAAGGGA AAATCTCACA CATAATTAAG 1080  
CAGTGGAAAA TGTGCTCAAT GCTATGGTGC GTCAGGCCCT CTGTCTACCA GGTTCCTCCC 1140  
GCTTCTGCA GAGCTGTGGA CCCTGTACGT ACCAAACAGG TGAACCTGGT CCATCTTCCC 1200  
TTCTTCCTTT TTTTGCACAT TTGCATTAT ATCTTCCTGT ACTAAAAGAA ACAAAATTATT 1260  
TATAATTGGG GTGACAATAT AAAGGAACAA AAGATGGGGC AATAGTTGCT TCCTAGCTGG 1320  
20 AGCTGTAAGT CCATGTTACA GAACTCACT ATTTAAAAAG TTTTAAAAGA TTTATGAACC 1380  
TTGTCCTACA ATTCGCTGAA TACTTATTTG TCTTTTAAAC TCCCCTCGGT GTATGGATCA 1440  
TCTTCGTGAG AATGCCGTTG TTTTCATTGT AATCAGGGGA AAATGTTAAT CATTTGGAGA 1500  
CTGTTTTCTT ATTACCAAT GTACAATCCA TAAGACAACCT GAAAGCAACA ACTGCTGGGT 1560  
TCACTGACAA AGATTATAAA AATCATCACG TTCAAAGTAG AGTTTTTAGC CAAGGTCAAG 1620  
25 AACTAACCTG GGGCTGAGTC AGCGTCTCTA CCCACTTAAA TAACAGCGTA AAGATCTTTC 1680  
ACTAAATTCG TTATGTGGTC TGTCTGGATG TAAACCTATA TATTTCCCTT TGAAACAGAA 1740  
TCATATCCTG CAGACTCTTG GCACTCCTGC ATAGCTTTGA CCGAATGTTT ACTCTCATCG 1800  
TAATGGAAGA TTTCTATCTA TGCAGATAAT ACATGTTTTT AAATACTGTT TTCTGTTTAG 1860  
TCCTCAATCT TCCTAACTCA AATTGGGGAC TGAGGAGAGA GAAAGGTGGT TACCCCTGTT 1920  
30 ACCGTGCCAT ATTCTTCTTG CTGCTTTTCA ACCCCACGTG ATTGTTGATT GACGGTTCTG 1980  
CTATAATGTG CGTGCCCTTC AAGTTTCAGA AAACCTTTCC AATCATTTCA CTTCAATCTT 2040  
AATTGAACCC AAGAGTCAAA GTTATTATTT TCTCCGAACG TGTTTGTGAT CTTCTGTTAT 2100  
ATTTTGGGGC ATGTTACCTT TATGGTATAT AAGCTGTAGT GCATACTCTT TGTATTGCAA 2160  
AAAACCTGGT AGTAATTTAT GTACATGTAT TCCACATTTT AGTGTGCTTG AAGTGACAAT 2220  
35 CCATAGTTTG TAGTAGTTTG TTAGTTGTCA ACTTTACCTT GTGTTTTAAG GACATCTAAA 2280  
CATTCCTTGT CCTATCAAGA TGACAAAAGC AGAATGTAAT TTTTTTTTGG AAGCTTCGTG 2340  
ATTACCTGTA ACAAGTCTG TTTTAAAC GAATACAAAT AAAGTTAGTA ACTATTTTAA 2400  
AATCAAAAA 2409

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2594 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 241:

```
10 CGCCCTTTTT TTCTTTATTT TCTTATGTAC TCATCTACTT ATTCTCAAAG TATTTAGCAT 60
   TCAACACTCT TTTTGCTTTA AAAAGAATGG CCTTACAAAG GGACAGAAAA GAGAAGACAC 120
   GAGCTTGGTG TATTTTCATC AAGTTATGTG GCAGAGAAAT CCAGATATTA CCAGGACCTG 180
   TCTAAACAAA TGTGTGGGT TTTCTTTTCA TTCGGATAGC CACTTTATAG TTGGAATATC 240
   AATTCTAATG AGGAGGAAGA CATAAATATA AGTGGTAAAA AGAAACATGA CTTCCCTTAA 300
15 AACAGGCTGG ATAATCTATA TCAGCCTTGT GGGTGGAGAC TAGTATTTGA TCCTTGCCAT 360
   ATAAAACATT TTAATATGGT TTACATGGGA AAATATCGAT GGCTTCCTCA CAAAATGTAT 420
   GGGTGACGTG AAGTTGAAGA GCCAATGGCT TGGGTGACAC GTGCTGGATC CAAAAGATC 480
   AGGGAGACTA GAATAAAACT TGGATGTTAA AAATTCACCA GGAATCCACA TAAAGTACTA 540
   TATTTGGGCT AAAATGAAAA ACTAAATACA AGGTGGGAGA GAGGCAAGAA TTTCAGTTGA 600
20 CTAAGCTCAG TGTGAGTTCA AAGTGGGATG GAACCATGCA AAAACAAAAC CCACAGACAT 660
   GCAGGCTACG TGAGGAGAAA ACAGTGGTGA GGATCACATC ACATTGTGTT TGCATTTGCC 720
   GGAACCATAC TTTAAGAAGA AAACCGATCA TCTATAATAA CATCAGTTTA TCAATGCCCC 780
   GTCCTGATGA AGTGTGCAGA CTCTCAGAAA CAGCAGGAAG GACTTCATGA GAACCCTCAG 840
   GCTGGAGAAG GGACTAGGGC ACAAGGAGAG CTCTCCTAGG ACCAGGACCA AGAAGCTACA 900
25 GGCAGGCACA GTTTAGCTCC TGCAGAGACC CAGCTTTTCA CAAGTTGGAG CCTTCCAGAG 960
   ATAGAGGGAC TGTGCTAGGT GGTGACCCAC CCATCACTGG AGGTGGAAGC AGAGGCCGTT1020
   TGCCAGGGAT GCTGGAGAGG GGATTCAGGC ATCTGGCTGG GCAACGTGAT GCTCAGGGCC1080
   GTCTCCACTC AGGGCTTAGG GGAGTCTGTG AGTAGAAGAG CTTTAGGTGA TTTGTTTGGT1140
   GGGGGAAGGC AAGTACACAG CTATGCACTT TCCGTTTCTG ACTTTTGCCA CCCTGTCAGC1200
30 CATGGGGAGC CCACTGTGGG ACTGAAACCC TGAGCTGAAT GCGGCCTCAT GTCTCAGAGA1260
   AACACTGGCA AGTTGGTCAG AGCCGCCGTG TGCATCGAGG CGTACTGAGC GGCAGGATGG1320
   GGGGCTGCCT GCCCAGGGTC TCTCACCGTG TGTAAAGCAG AGCCATGGCT TGCCTAGGAC1380
   CCTATAGATA CCATCACTCT TTCTCAGCTC GACTGGAGTT TCTGCACCTT TGCAGGGGCA1440
   AAGTAACCTC CTGCACCCTG AACCACCCCT CATTCTGTG CATTTCAGCA GATAATGATG1500
35 GAGGGGGGGG GGTGTCCATC GTGCTGAGGG TGTGACCGCA AGAGGGTGAA AACTTCCAGC1560
   CAACTTTCTC AGTCCTTTCT CTTGCGAGAG GGAAGCCACC TGCTATACAA ACTAATACCC1620
   CCTGCCTTGA CCCCTTCCCC ACGACTCAGT TGACAGAAGG ATATACTTTG TTATAACTTA1680
   TTATTTTGTT CTCTGTAAAT ACAAGATGTT TATAGGAAAT ATGTATTCTG AACTCTATCT1740
   GCAGAATGAG TCACTACACC AAAATAGTTC TATTATTTAG AATGTGTTAA TTTTAAAGGG1800
40 ACCTGATAGG TATTTATTTA CATATGCGAT CCACATTTGT GTGAAAGCAT GTGATCATA1860
   TAACCCAGCC TCCTGGAATG TCGCTGTACG ATGATTGATG TCTTTTCTC AGTCCATAGT1920
   TACAATTGTT TAGTATGCTA ATCAGTCCAG TTCCCTGAGG TTTAAGATCA AATATAAATT1980
   ACTCTGCTTT TCGACTCATT CAGGTAGCAT TGTACCTGAA CCTGATTGCT ACTTTTTTCAT2040
   CTTAAATATT ATATTTCTC ATCTAATCTG CCTTCCCTC ATCCACAGAC ATTTGGAGAA2100
45 GGAAATGGGA GGGTGTCTGT TATCCCTTTC TCTTTGCTTT GTCCCCGTTG TTAGACTGGC2160
   AGCGTCAGTT GCTCGGTGGG CTTGGTTAGA GCCGTGGGTG AGGCAGGTGG CTGGCGGGGA2220
   CAGGGAGAGG CTGAGAGGGA AGTGGTGGCA TTTACTGCTC TGACACTTCC ACTGTCCCTG2280
   CTGGGGATGC TGGGGCCAAG GCCTGTGGGG CCTGTGAACT GCACAGCCAG GAGCAAGGAA2340
   CCCATAAAT ACTCCGTCAC CTCCATGTCC CCTCTACAGT GTTAAATTAT TACATAAGCA2400
50 GGTGAAAGGT AGAAGGCGAA TTATGTGAGT AAATATGGTC TGTTTCTCT TCAGCAAAA2460
   TGAATATTTT TGTGTGTGAC TAATTTATTT TTATTATTGT AAAGATACAA TAAACCGGTT2520
   GAAATATCTG CTTTGTGTGAC AAGCGTGTGC TTTCTATGGC NTTATTNGCG TTCTGTTNTC2580
   CTGNAAATAG CGCC 2594
```

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1012 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 242:

```
TGAACTGGAG AGGTGAAGGT TGCAGTGGCC TGAGATCGCG AAACAGAGCG AGACTCCATC 60
TCAAAAAATA AATAATAAT AAAATTGGCC GTTCACGGTG GCTTATGCCT GTAATCCCAG 120
CACTTTGGGT GGCCGAGGCG GGTGGATCAC CTGAGGTCAG GAATTCGAGA CCAGCCTGAC 180
CAACATGGAG AAAACCCCGT CTCTACTCAA AATACAAAAT TAACCGGGCG TGGTGGCGCA 240
TGCCGTGTAGT CCCAGCTACT TGGGAGGCTG AGGCAGGAGA ATCACTTGAA CTCAGGAGGC 300
AGAGGTTGCA GTGAGCTGAG ATCATGCCAT TGCACCTCCAG CCTGGGCAAC AAGAGTGAAA 360
CTCCGTCTCA AAAAAAAAAA AAAAGAGATG TTTTTCATTT TTTTCATGTT ATCTATCCAA 420
GCACTGTTCC ATGGTCAGCA AGTCATATTT CATAATGTGG ATTTTCCAAA ATAATTATTG 480
AATACAGCTA TTCTATGGCT ACTTTTAGTG TTTTGTGGT ATGTGGTGTG GGAGTGTTTA 540
TGGAATTACC AGTATCTTAA ATTTTCAAAG GAACCTTGGA AGTCTATCAC TCTAAATGAA 600
AGTCTGTCAC TCTACATGAA TTATGTGCTC AAATTTGACC AACTCAGTTT AAGACACAAA 660
ACAGTAATTT GAAGAAGGAA AAATGAAGAG AGTTTCTAGT TTAATGGGTT AAATTTTTGT 720
TGTTGCAATA GTAAGTTTAG TCTTCTTATA ATATTTCTAA ATGAAAATC ATAGGTATTT 780
GTTACCATGT GTGAAGATTA CTTTGTTAAA AGCAAAAGTG GTCGTGTGAT ATGCTAAATG 840
TTAATTACTG ATTTTATATG TTTAAATCAC GCCAAACAAA TTATGTCTGT GCCATCCAGG 900
GTCTGTTGTT AATCTTTTTC TGAGTACTTG GATTGGGATA AAGGGCTTGT ACTATGCACT 960
TTTTATTAAT GAATAAATAG AAAACGTTAG TAACAAAAAA AAAAAAAAAA AA 1012
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1206 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 243:

```
15 TGAGACGGAG TCTCGCATCT GTCGCCCAGG CTGGAGTGCA GTGGCGGGAT CTCGGCTCAC 60
TGCAAGCTCC GCCTCCCGGG TTCACGCCAT TCTCCTGCCT CAGCCTCCCA AGTAGCTGGG 120
ACCACAAGCA CCCGCCACTA CGCCCGGCTA ATTTTTTGTA TTTCTAGTAG AGACGGGGTT 180
TCACCGTTT AGCCGGGATG GTCTCGATCT CCTGACCTCG TGATCCGCCC GCCTCGGCCT 240
20 CCCAAAGTGC TGGGATTACA GGCCTGAGAC CGCGCCCCAC ACTATGAGTG TTTTAAACAC 300
CATTCTCCCC CACTTCTCTC CTGGGTGACA TAAGAGAGAA ATAACCNTGT AGTACAGCAG 360
CTAAAGTATT CTCCTTTCAG AGAANNTTTT TTTGGAGGTC TCTAATATAT ATTTCCCCCN 420
TTGTCTCTGT GATCTCTTAT TTATACTATA TTATTGTCCC ATGTACTTTC TAAACTGAGC 480
TTGGAACATT TAGTATTCCT GCAATTGGAC TTCCCACTTA ACAATTATAC AGACTTTGCT 540
25 TTTAGAAATA GATTAGGTTC CAAACAGAAA GTTCNAANGT GTAACAACNA ACAATAAAAA 600
TAGATTATGA AACANGGCTA TAATTGGCTC TTTTGGATTT NGATAGGGGC AAGATGAAAG 660
GNCAACNTTT CTTGCNTTTT GAAANNTCAT NGTTNGGGTA ANGAGGTAAG GNAATNCCAG 720
CTANCAATTT TNATTAGTGC TTGNAAANCG GGCTTNCCTT NGAATTCNTC CANGGNCCCT 780
ATCATTTTTT TTTTCTTAC TAATNCAGAA GAGAGNCTGG GGTAGAAGNC CCCATNGTTT 840
30 GTATTCCNAT GAAACACNGT CGGGTTGGNA GTAAAGGCAA AAACAGCNTA GACACACCAG 900
GNTGTGTCTG NNTTTGACAT TTATAAGCTG GCACTCATCA AACTCTCTGT TTCTCCTTTC 960
TCTGGGACGT GTGGATTAAG GGGTGTGAGT TGTGGGAAGA ATTGNCCCTC GTACCTCCTG1020
GATTTATTAT TTTTCTCAAA TACCAACCNA GTAAGATCCC AAATAACTTG AGAAAAATTG1080
TTTCCTGATC TGTCCACTTC TGGTGTCAAA GATTTTACTC ATCTTCTTAG TACATTCTAT1140
35 GTATTTTATA TGTATAATTT TNATACAATT AAAAATAGAT TTTTGTNCTA GTNGAAAAAA1200
AAAACA 1206
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2514 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 244:

10 AAGGTGAAGA GCGGCATCCG GCAGATCCGG CTCTTCAGTC AGGATGAGTG CTCCAAGATC 60  
GAGGCCCCGA TCGATGAGGT GGTGTCCCGC GCCGAGAAGG GCCTGTACAA CGAGCACACG 120  
GTGGACCGGG CCCCCCTGCG CAACAAGTAC TTCTTCGGCG AGGGCTACAC GTACGGGGCC 180  
CAGCTGCAGA AGCGCGGGCC GGGCCAGGAG CGCCTCTTAC CCGCCGGGCG ACGTGACGA 240  
15 GATCCCGGAC TGGGTGCATC AGCTGGTGAT CCAGAAGCTG GTGGAGCACC GCGTCATCCC 300  
CGAGGGCTTC GTCAACAGCG CGGTTCATCA CACTACCAG CCCGGCGGCT GCATCGTGTC 360  
CCACGTGGAC CCCATCCACA TCTTCGAGCG CCCATCGTG TCCGTGTCTT TCTTTAGCGA 420  
CTCTGCGCTG TGCTTCGGCT GCAAGTTCCA GTTCAAGCCT ATTCGGGTGT CGGAACCAGT 480  
GCTTTCCTG CCGGTGCGCA GGGGAAGCGT GACTGTGCTC AGTGGATATG CTGCTGATGA 540  
20 AATCACTCAC TGCATACGGC CTCAGGACAT CAAGGAGCGC CGAGCAGTCA TCATCCTCAG 600  
GAAGACAAGA TTAGATGCAC CCCGGTTGGA AACAAAGTCC CTGAGCAGCT CCGTGTACC 660  
ACCCAGTAT GCTTCAGATC GCCTGTGAGG AAACAACAGG GACCCTGCTC TGAACCCCAA 720  
GCGGTCCAC CGCAAGGCAG ACCCTGATGC TGCCACAGG CCACGGATCC TGGAGATGGA 780  
CAAGGAAGAG AACCGGCGCT CCGTGCTGCT GCCACACAC CGGCGGAGGG GTAGCTTCAG 840  
25 CTCTGAGAAC TACTGGCGCA AGTCATACGA GTCCTCAGAG GACTGCTCTG AGGCAGCAGG 900  
CAGCCCTGCC CGAAAGGTGA AGATGCGGCG GCACTGAGTC TACCCGCCGCT CCTCCTGGGA 960  
ACTCTGGCTC ATCCTTACGT AGTTGCCCCCT CTTTTTGTTC TGAGGGTTTT GTTTTTGTTC1020  
ATTGGGGGGT TTTTGTTCCT TGTTTTTTGT TTTTTTTGAT TCTATATATT TTTCTTGGT1080  
TTTGTGCTT GTTAAGGCTG AAGAATAGAA TTGGCCAGGA CTTAGGTTCT CATATCTTG1140  
30 GTATTCCTCC TGGATGGAAA GGCTGTTGGC ATCAATAGGG GACAGAGGCT GATGCTGGAG1200  
TGGCCAGTAG AGGTGGTGGG GCAGAGCAGC CATCTTTTAA GTGGGGCTGT ATCAGGCTGG1260  
GTTTATTTAA AAGCAACAAA ATGTTTTTGT TAAGAAAATT ATTTTGCTTT CAGTGTAAT1320  
CTTCGCAGTG TTCTAAACAA AGTTCAGTCT TCTGCTCGCC CTTTTCCCTC ACTGATGTCT1380  
GCACTTGGTT GAGGTCTCCT GGAGCCTCAC AGGCTCTGCT GTTCTCCACT TCTCACCTGC1440  
35 CATCCACGCC CTGCAAGCTC ATGCAACAC CTTTCTTCC TCCTGCGGCA GAGTTGTTCA1500  
GGTTGCCTGG GCAGGGGCTT AAACAGTGCC AGCCCTGCC ATCCCAAAGC TATTGTTAAG1560  
CCCCCAGGC GTCCTCCACC CACGCCCCCT AGCCTGCCAT GTCCACAGTT CCTTGGGCTG1620  
CTGAGGGGCT AGTGCACTGG TCCTGACCTC TCTTATCAAG AGCACACTTC TTTGCTGGTT1680  
GCTCCTTTTG AGCATATGCG TGTGATTATT TGAACAGTT AGACTTGCCA CGTTGGGTCA1740  
40 GTTTTAGAAA TTGTTTCTAG CTAGAGGGAC TGGTGTCTT CCAAGTCTAG CATTTGGGGT1800  
ATGGAATAAT GTTGTGGTGT GTGGTAGGGT TTTTGTTCCT TTTTGTGAGT TTTTGTCCC1860  
CCTTTAGTCT CTTGGCTTTT TCCTTCCCT TCCCTTCTCC ACTGGCCAGC TTGGGCCTCA1920  
TCCTCATGTC ATCCTTCTAG GAAGGCGCCT GCCCATCTT GTCTGCCGGC AGCATGCATC1980  
CAAGGCCAGA GCTCAGGCCT GCAGACTGGG CTGGTGCTC CTCCGCTTCA GGGTATGGGA2040  
45 GTTGGTGAAG GGGCTTTCAA AAAATAATAA GAAAAAAAAG GTAAAGTCTT TGGTAGCTTC2100  
TATCCACTCA GATCCTGGAA GGCAGCAAGG TTTTGTGGAT CTAGATTCAT TAGGAATGTC2160  
TTCTTGTCAG CCAGGCCAGG ACCCGGGCTT GCCAAGAGCA GAGGCCCTCC CAGCAACCAG2220  
GATACCACCA CTTTGGGGGC TTTGTGTACA GAGGTCCGGG TCTGAGACCT CATAGGCTGC2280  
AGAAATCTGG GGCAGCCACC ATCAAGAAGC CCTCTCAGG GGCCAGAAGT CCTTTGCCAG2340  
50 CGTGGATTTT TCAAGTCGGG ACTGCATAAT TAAAGCAGTT GCAGTTTTAT TTTTTTTACA2400  
GCTTTTTTCC CAAAATGAT TTGTAGTTGT GTGTGCAGCA CTTGCGCCTG ATATGTGTGC2460  
TCTACAATAA AAACCAAATC TAATATATT TGAAAAAAA AAAAAAAA AAAA 2514

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:3903 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 245:

```
GCAGTTGGAT CCCTGGCGGG TGCGGCCCGG CCCGGCCCGT GAGCGGCGCA CAGAATGGGC 60
CGATGCTGCT TCTACACGGC GGGGACGTTG TCCCTGCTCC TGCTGGTGAC CAGCGTCACG 120
25 CTGCTGGTGG CCCGGGTCTT CCAGAAGGCT GTAGACCAGA GTATCGAGAA GAAAATTGTG 180
TTAAGGAATG GTACTGAGGC ATTTGACTCC TGGGAGAAGC CCCCTCTGCC TGTGTATACT 240
CAGTTCTATT TCTTCAATGT CACCAATCCA GAGGAGATCC TCAGAGGGGA GACCCCTCGG 300
GTGGAAGAAG TGGGGCCATA CACCTACAGG GAACTCAGAA ACAAAGCAA TATTCAATTT 360
GGAGATAATG GAACAACAAT ATCTGCTGTT AGCAACAAGG CCTATGTTTT TGAACGAGAC 420
30 CAATCTGTTG GAGACCCTAA AATTGACTTA ATTAGAACAT TAAATATTCC TGTATTGACT 480
GTCATAGAGT GGTCCCAGGT GCACTTCCTC AGGGAGATCA TCGAGGCCAT GTTGAAAGCC 540
TATCAGCAGA AGCTCTTTGT GACTCACACA GTTGACGAAT TGCTCTGGGG CTACAAAGAT 600
GAAATCTTGT CCCTTATCCA TGTTTTCAGG CCCGATATCT CTCCCTATTT TGGCCTATTC 660
TATGAGAAAA ATGGGACTAA TGATGGAGAC TATGTTTTTC TAACTGGAGA AGACAGTTAC 720
35 CTTAACTTTA CAAAAATTGT GGAATGGAAT GGGAAAACGT CACTTGACTG GTGGATAACA 780
GACAAGTGCA ATATGATTAA TGGAACAGAT GGAGATTCTT TTCACCCACT AATAACCAAA 840
GATGAGGTCC TTTATGTCTT CCCATCTGAC TTTTGCAGGT CAGTGTATAT TACTTTTCAGT 900
GACTATGAGA GTGTACAGGG ACTGCCTGCC TTTCCGTATA AAGTTCCTGC AGAAATATTA 960
GCCAATACGT CAGACAATGC CGGCTTCTGT ATACCTGAGG GAAACTGCCT GGGCTCAGGA1020
40 GTTCTGAATG TCAGCATCTG CAAGAATGGT GCACCCATCA TTATGTCTTT CCCACACTTT1080
TACCAAGCAG ATGAGAGGTT TGTTTCTGCC ATAGAAGGCA TGCACCCAAA TCAGGAAGAC1140
CATGAGACAT TTGTGGACAT TAATCCTTTG ACTGGAATAA TCCTAAAAGC AGCCAAGAGG1200
TTCCAAATCA ACATTTATGT CAAAAAATTA GATGACTTTG TTGAAACGGG AGACATTAGA1260
ACCATGGTTT TCCCAGTGAT GTACCTCAAT GAGAGTGTTT ACATTGATAA AGAGACGGCG1320
45 AGTCGACTGA AGTCTATGAT TAACACTACT TTGATCATCA CCAACATACC CTACATCATC1380
ATGGCGCTGG GTGTGTTCTT TGGTTTGGTT TTTACCTGGC TTGCATGCAA AGGACAGGGA1440
TCCATGGATG AGGGAACAGC GGATGAAAGA GCACCCCTCA TTCGAACCTA AACATTGCCT1500
TTGCTTGGTG AAGAAACTGT GTGAGCTGTC CTGACCTGGA CGATGACGTG GGGAAACCCT1560
CCACCTCCTT GCAGGCTTGT TGCCTGTTGA AAGAAGGAAA AAGACACGGC GCTGGCAAGT1620
50 GATAGGAACA TTCTGGCCAG AGGTTAAAGA GCAGGCTGAC ATGGCTGGCC ATTAAGCTTT1680
ATAAAATCAT GTGGGCTCTG AAATTGTTCT TTTATGTGTC TAGCAAGTAT TTAATAAACC1740
CTTGATAGT AAAAAAAG TTGTTGGGTG CTGGTAGCTC CAGAATTTTG TGACCACTAT1800
TGTGGGTAAA ATGCTCTGTC ATCACTTGTG ATGCTACTG GTCTAACTTC ATTCAGTATG1860
CTTCATTAC CGAACTTTGT GCTCAAAATG CGTATATACC ATTTTATGTT GTATTCCTCC1920
```



ATTTCACTTG CAAAACAGAA GTAAATAAGA GTTCGGGACC CAGGGTAAAA TGGTAGCTTC1980  
ATCCAATATA TCATTCAAAT GCATCTGATT TCTAAAACAT ATTACATTTT ATGCTGATCT2040  
TCAGTTCATA ATTCTTCCAG GAAAACTCAG TCTTCCAAC TCAATAAAAT ACTGGGTAGA2100  
ATCAAATGGG AAAGGGGTTG GGTGGGGCAA TACCCATGAG TTGATAGTGA TAAGCTCCTA2160  
5 AGGATTTTAA ACTTGTAATT TTGTGAACGA AGAGAATGCA TAAATAATGT TGGTGAGGAT2220  
AAAGTACAGA TATTTTCATGT AGAATTAATT GCTAGTTATG ATGCTTGTGG ATAGTTAACT2280  
GTTTTTTTTT TAGTCAAAAT GATCATGCTA CGAAAAGATG CTTCTGAGAG AATGTAATGA2340  
GTAACGATT TTTCTTCCGT AGTCGCCCTT GCCAAATATG TTACTGTATT AATTAATCTA2400  
ATATTGAGTG ATTATTTGTA AAATTATGAA TATGGGAAAT CCATCTATCT ACAGCCTAAG2460  
10 TTACACATAA GTTTCAGAAA GTCTGATTAG ACTAAAGAGA TATTTCTTCT GGGACAGCCT2520  
TCTTCTTGGT AATTTTGAAG TTCTTTTTAC AAGTTCCTTC CTCAGTTTCA GTTCTTTCCA2580  
GTGTTTTGTA GCTCACTGTC ACTCACTGAA TAGAGAAACG TGTGCCCTAT ACTTCTGTG2640  
ACAATCATT TGCTGACAGA ATGATGGATG TTTAAAATAT TGCACAAAGT ACTTTAAAGA2700  
AAGGTCTGTT AGGACCAGAA GCAGAGACAC CACTTTTCAA AGGACTTCTT GGTTTCAGCA2760  
15 TAACCTAAGA CAGGGAATTG GGAGCCATCA TATGTCACAG TGTTTCAGAA TCAAGCATAT2820  
TTAAGGGCAT TTTCTTTGAT TCTCAAAGTT CAGCATTAT TTTGAATTGA GAAGCCTATA2880  
CATTTAGCTG ACAAAGTGCT TATAGAATTT CTTAACAAC GAACCATTCA AAAGGATTTT2940  
TTTTGTTTAA AACTGGATTT CAATGTAAGC AAATGAAGAA AAAATATAGA TTTTATTTCC3000  
ATAGCTTCTT ATCCCTGTAT TGAGGTAATA AATTGTTTTA CTGACAATTT TTCCTTTTTC3060  
20 TACACTAAAA CAATATGTGA TATATTTCCC CTCTTGAAGA GGCAATTCAT TAACTCTCA3120  
AATTTTCTAT AGAATCAAGA TAGAACCTTT AGATACTCCA ACTCACCAAA ATGTAAAAAA3180  
ACTAACAAAA ATATTTGGTC TTCAATAATG CTAAATATCT ACATTTTCTAG AATTTATCAA3240  
CATTTAACTA GATAATTGGG CATGTCTTAA TTATGCATGT ACTTATCCAT ACTAATAAAA3300  
TTGACAATGC TAGTGACATC TTATTGGTTT AGTCCTATTA TCAGGATATA ATCATCTGTG3360  
25 AGGAGGATAT TTTAAATACT GTAAATGATA ACAGTTAATG ATATACACAT TTAGACTGAG3420  
TTGCACACTG GCAGGGAGAC CAAAAACATT ACTTCCATAC TTGTGTCATG ATTCTTTTTT3480  
TTTTGAGAGA GTCTCACTCT GTCGCCAGGC TGGGAGTACA GTGGCATGAT CTCGGCTCAC3540  
TGCAACCTCT GCCACCCAG GTCCAAGTGA TTCTTCTGCC TCAGTCTCCC GAGTAGCTGG3600  
GACTACAGGC ACCCACGAGC ATGCCTGGCT AATTTATGTA TTTTATAGTAG AGACGGGGTT3660  
30 TCACCATGTT GGCCAAGCTG GTCTCAAACCT CCTGACCTCA AGTGATCCAC CCACCTCAGC3720  
CTGTGCAAGT GCTGGGATTA CAGGTGTGAG CCACTGCGCC CACCTTCTAT TTTTATCTTC3780  
TTTTTAAGGA ATTAATTATT TGAATATGGC AAACATCCAC ATGGGGCCTA AAGTCAAATA3840  
ATGTAAAGCG ATACATTAAT AGGGCTTTAC TTCCACCTC TTTAGGTCTT AATTCAGTCA3900  
GTT 3903

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1730 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 246:

5 GCATTTCTGC CATCGCCAC CGTGGCGGCA CAAGCGGCAG CCCGAGAACA CGCTGGCGGC 60  
CATTCGGCAG CTAAGAATGG AGCAACAGGC GTGGAGTTGG ACATTGAGTT TACTTCGGAC 120  
GGGATTCCCTG TCTTAATGCA CGATAACACA GTAGATAGGA CGACTGATGG GACTGGGCGA 180  
10 TTGTGTGATT TGACATTTGA ACAAATTAGG AAGCTGAATC CTGCAGCAAA CCACAGACTC 240  
AGGAATGATT TCCCTGATGA AAAGATCCCT ACCCTAAGGG AAGCTGTTGC AGAGTGCCTA 300  
AACCATAACC TCACAATCTT CTTTGATGTC AAAGGCCATG CACACAAGGC TACTGAGGCT 360  
CTAAAGAAAA TGTATATGGA ATTTCCCTCAA CTGTATAATA ATAGTGTGGT CTGTTCTTTC 420  
TTGCCAGAAG TTATCTACAA GATGAGACAA ACAGATCGGG ATGTAATAAC AGCATTAAC 480  
15 CACAGACCTT GGAGCCTAAG CCATACAGGA GATGGGAAAC CACGCTATGA TACTTTCTGG 540  
AAACATTTTA TATTGTTAT GATGGACATT TTGCTCGATT GGAGCATGCA TAATATCTTG 600  
TGGTACCTGT GTGGAATTTT AGCTTTCCCTC ATGCAAAAGG ATTTTGTATC CCCGGCCTAC 660  
TTGAAGAAGT GGTCAGCTAA AGGAATCCAG GTTGTTGGTT GGACTGTAA TACCTTTGAT 720  
GAAAAGAGTT ACTACGAATC CCATCTTGGT TCCAGCTATA TCACTGACAG CATGGTAGAA 780  
20 GACTGCGAAC CTCATTCTA GACTTTCACG GTGGGACGAA ACGGGTTCAG AAAGTGCAG 840  
GGGCCTCATA CAGGGATATC AAAATACCCT TTGTGCTAGC CCAGGCCCTG GGAATCAGG 900  
TGA CTCACAC AAATGCAATA GTTGCTCACT GCATTTTAC CTGAACCAAA GCTAAACCCG 960  
GTGTTGCCAC CATGCACCAT GGCATGCCAG AGTTCAACAC TGTGCTCTT GAAAATCTGG1020  
GTCTGAAAAA ACGCACAAAG GCCCTGCCG TGCCCTAGCT GAGGCACACA GGGAGACCCA1080  
25 GTGAGGATAA GCACAGATTG AATTGTACAA TTTGCAGATG CAGATGTAAA TGCATGGGAC1140  
ATGCATGATA ACTCAGAGTT GACATTTTAA AACTTGCCAC ACTTATTTCA AATATTTGTA1200  
CTCAGCTATG TTAACATGTA CTGTAGACAT CAAACTTGTG GCCATACTAA TAAAATTATT1260  
AAAAGGAGCA CTAAAGGAAA ACTGTGTGCC AAGCATCATA TCCTAAGGCA TACGGAATTT1320  
GGGGAAGCCA CCATGCAATC CAGTGAGGCT TCAGTGACA GCAACCAAAA TGGTAGGGAG1380  
30 GTCTTGAAGC CAATGAGGGA TTTATAGCAT CTTGAATAGA GAGCTGCAAA CCACCAGGGG1440  
GCAGAGTTGC ACTTTTCCAG GCTTTTTCAGG AAGCTCTGCA ACAGATGTGA TCTGATCATA1500  
GGCAATTAGA ACTGGAAGAA ACTTCCAAA AGATCTAGGG GTATGCTCAT GGTGCAAAGT1560  
GGGGGAAC TA AACTCTTAGG GGAGAAGAGG GGGTGACCCG CAAAAGAGAC GAGATTAGAG1620  
GGAACGAGAG GGGGAAGCCG GAGAGTCCAG GAAATAAGGA GGTGAAGAAA GAAGTTGTT1680  
35 TAAGGCGAGC TGGGGAAGTT GGAAGCCCGA AACTTGAAAG GAGGATAAAA 1730

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 3439 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 247:

5  
10  
15  
20  
25  
30  
35  
40  
45  
50  
55

CAGATTTTGC CGGCTTTTAT CCTTTTATTT AACGGATTGA AAAGAGCATA TGCCTGCCAT 60  
GCAGAACATG AAACCGAGGA ACTGGGGAGT GATGAAGATG ATATTGATGA AGATGGGCAA 120  
GAATATTTGG AGATTCTGGC TAAGCAGGCT GGTGAAGATG GAGATGATGA AGATTGGGAA 180  
GAAGATGATG CTGAAGAGAC TGCTCTGGAA GGCTATTCCA CAATCATTGA TGATGAAGAT 240  
AACCCCTGTTG ATGAGTATCA GATATTTAAA GCTATCTTTC AAATATTCA AAATCGTAAT 300  
CCTGTGTGGT ATCAGGCACT GACTCACGGT CTTAATGAAG AACAAAGAAA ACAGTTACAG 360  
GACATAGCAA CTCTGGCTGA TCAAAGAAGA GCAGCCCATG AATCCAAAAT GATTGAGAAG 420  
CATGGAGGAT ACAAATTCAG TGCTCCAGTT GTGCCAAGTT CTTTCAATTT TGGAGGCCCA 480  
GCACCAGGGA TGAATTGAGT TATCTCTTTC TTTCTGCTG TGTGCTTGTA GTGAAGAGCT 540  
TGTGTTCCCTC CTAGTAGTGG TTCCAGAACT GGTTCATGTT ATCTATTCTA AACTAATAAT 600  
CAATAGATGG ACAAAGAAA CAACAACCCC AGGAGATGGG ACCTGATCAT GCAACCTGGC 660  
ACTGGAAAAG AAATCAGCGG GATTTTGGGG GTGGGGGGGA TGGGAGGTAC CTTAGAGGGA 720  
GTATTTTCTT TATTTTGTGA AGAAAGTAAG ATCCTGACTC TGAAGCTTCA AAGTGACACT 780  
GTGGAATCT GAAACGAGGG GATGTCATGA AGGCAGCTTT TCTTTTCTG AGGAAAAAAT 840  
AGGCATGGGC TACAGGACTA TTTAAATGT CTCATTTACA GTATAAACT CAAAGGTAGA 900  
TGTAATTTTT ACACCTATGA GTATTTGTCC AATTTCTGTC TCTTCCTCAC CATTGGGTAT 960  
CTATTCTTTA TATGTAAATA AGATAAGGTC ATCTGATAGC CTTATTCACT CTTTCATCATT 1020  
TTCATCATTG TTCCTATGTA GATTATTGGA CATTTATTGT AGCACTACAT AACTGATTAT 1080  
AAAAATCTGT AAATGAATTA GCACTTTCAT ATTGAAACAA GCCTGCTAGC CTATGTATAA 1140  
AATAGCAAAA TGTTTGCTGT TTATAAAAAAG ATGTAATGGG GTGGGGGGCA GGGGTAATTT 1200  
CAAGTTATTA ATTTAAAAAT GAACTAGCAA TTTTGTACCT GGTGACTTTG TGGTGCCTC 1260  
ACCTCTGATA GTGACTTGAA TTCGGTATGT AAAAAGGGGT TAGTGGTATT TCATTGCTGC 1320  
TAAAAATGAC AACTCCCTCT GTGTCTGTT TTTCTTAAAG CTGTCAGTGT ACAAGTGGGT 1380  
ATTTGAATAC CAGACCTTAC TGTAAAAAAT AAAAAGGTG GTATCTAGAG CATGTAAATT 1440  
GGATATAAAG TTCTGCTCTT AAAGAGTTGA TCTAAGAGTA TGGCTAAACA TCTATATATG 1500  
CAATCTATTA AAAGAACTTA ATTCGGCTAT TATGTCTTGA TTTGATTGCA GTTTTTTCT 1560  
AATTATAACA AATTTTCCCT CATTTGCCCTG TTTTAAATCC TGTGCCTAGA AGGAGTACAA 1620  
AATGCACACT TTACAAAATT GATATTTAAC ACTTACCCAC TCCCCTTTCC CCATCTCTTC 1680  
TACCGCTCTT GTTGATCGTG GTATCTGATC TTGACTAGAT AGGCTGAAGG CACATGGTTC 1740  
CCTCCAAAAA CCATTATTGA TACCACTACA AAAACAAGCC AGCAAAAAGA TACTGTAGAG 1800  
AGTTGGCTT CTTCCCTCTT CTTCCTAAT GCATGTTGAA AAATAAGCCG TTATTGTACT 1860  
TAAACATCGG TCAGATGAGT CATACATTGG GTTATTTTTT ATATACATGT ATACACAAAA 1920  
TATTTCAAAT TGAAAGCAAC ATCTTAATGG ATTCAAACT ATTACAAGCT GTTGTCTAAA 1980  
ACAGGTGAGA AAAAAATTTA TAACTGTAAA AACAAATGCA CATATTGATA TTTAAATGC 2040  
GTAATTAAGA AAACCCATTG TTGTTGTGTT TTTCTTGAT ACCAATAATT AAGCCACTAC 2100  
TGTTGGCACT GTTTGGTTTT CTATTTTAAC ACTGAAGGAG TGAAAGTATT TCCTATATTT 2160  
ATGAATTTAC TACTAAAATC TTGGCAAAAA AAGAAAAAAA TTGTCTAACG TGTGTGGGTG 2220  
AAAATGTTA ATCAAGTGTT TCTACTCCCC CCCGAAATC CCCTGAAAGT TGGACACCAA 2280  
CTGTATACCC TAGTTTGCTT AAAGGGATT CACTATTATA TAAAGTCAAT AAAAAAGA 2340  
TAGTTGTATA TAGTCAACAT TGTGTACAGA GGGGAAATAA TGAATAGTAT TAAAGAAACA 2400  
TTCTCGTCTT CCTTTACCTT TAATCCCTTA ATACCTAGTC TACTTTTTAA ATTTTCAGAC 2460  
TTCACCTGCTT TTTGAATTCA TAATCTAAT TTTTACATTA TTGTTAATGG AAAATCATAT 2520  
CTAATAAAGG TTTTAGTTAT TCCCATGCAC AGTATGAAAA TTCTCATTTG CTGAGGTTTT 2580  
GTTTCAAGAA AATGTATTGG CATGTCTTTG AGAACATGTT TTATTGTCTC CTGTGTCATA 2640  
TAATCCAAAC TAATCTCCGT TTACAGACTT TAACTGAAA TTAGACCTTA TAATTAAACT 2700  
ATTTAAATAG TGTTCAAATG ATAGTTTCTA ATGCATCAAA TATATACCTC AGTTTTCATG 2760  
ATTTCTTTTA ACATTATAAT TTGGTATAGA TCAAGAATCT TAACATGTAT CAGTTTCTAG 2820  
ATGAGGCTGC AGGATTTTGG GAAAACTTTT TGAATGTATT TACAATATTC TCTTGTAATT 2880  
AGCTACATAG GGACTTGTCT TTTTTTCTTT TTACATACAG CTTTTCCTAC AGTTTTATTA 2940  
CCCTGTAATT TTTTTTTAGT TGTAGAAGTT AATTCTGATT TTGTGTGGAT TTCAGTATTT 3000

GTCTTTGTTA ATGGCACATA TTAGCATAAA TCACTTTTGT AAATGTAAGC TTTCTTTTTT3060  
TTTCTTGAAA AAGCCTTTCT ATTTATCAGT ATTAAATAAA GGAAGTTAAT CTGTTTCTCT3120  
GCAGGTAATA AAATAGTGAC ACACTGTATT AAGATAGTGA CTGCTATACT CAACTCTGGA3180  
AGAGACTAGA GTATAGAGCA TGAGTGGCAA AACCACAGCC CTTGGGCCAT ATGCTGCTAT3240  
5 TCAGTCCCAG ATGTAGCCCC TGAAGCAAGC ATAAAGAAAA ATGAATTAAA AATTAAATTA3300  
ATATGGAAAG TTAAAAAATG GATTACATTA GTATGACTAA ACCATGTCTT TGGCAAAGAT3360  
CTAACACAAT GTCTTAAGTA TAATAGGTAG TCTCTGTTT TAAAATAAAT GACTTAAATT3420  
TAAACATCA AAAAAAAA 3439

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

(A) LÄNGE: 378 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 248:

30 SCSSPSCHRG HERFRIASAC LDELSCEFLI AGAGGAGAGA APGPHLPFRG SVPGDPVRIH 60  
CNITESYPAY PPIWSVESDD PNLA AVLRL VDIKKGNTLL LQHLKRIISD LCKLYNLPOH 120  
PDVEMLDQPL PAEQCTQEDV SSEDEDEEMP EDTEDLDHYE MKEEPAEGK KSEDDGIGKE 180  
NLAILEKIKK NQRQDYLNGA VSGSVQATDR LMKELRDIYR SQSFKGGNYA VELVNDSLYD 240  
WNVKLLKVDQ DSALHNDLQI LKEKEGADFI LLNFSFKDNF PFDPPFVRV SPVLSGGYVL 300  
GGGAICMELL TKQGWSSAYS IESVIMQISA TLVKGKARVQ FGANKSQYSL TRAQQSYKSL 360  
35 VQIHEKNGWY TPPKEDG\* 378

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

(A) LÄNGE: 281 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 249:

AVGSAALFKD GGGGTSAAEA GAAGQRLRSV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSER 60  
LELSVLYKEY AEDDNIYQOK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSHL EALLDDSKEL 120  
5 QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL 180  
VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI 240  
QVEYMDRGE G TTNPHIFPE GSEPKVYLLY RPGHYDILYK \* 281

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

- 10 (A) LÄNGE: 245 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 250:

DHLQPQKNLC TCLAPGRGGQ QGSSGLEPAL FVEDIVSRP VEKVDLGLGA LREDVRIGGA 60  
ALAAVHVLHL DGHAEGLGQR NDVDVVALLA HGLHLLLAEL LDSPSTLDEV LEELALALQV 120  
ARGEQPQVDH KVVGGALVIE GGQQVGDRL LLHLLNQVHE RVVEILNCEF SEALGHQVFL 180  
30 ALGRHSLEPL QLLAVIQQCL QVGESESPIE TVAVRPGGLAD VRVLFVEVLD LLLIDVVIFS 240  
ILLV\* 245

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

- 35 (A) LÄNGE: 294 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 251:

50 MLAARLVCLR TLPSRVFHPA FTKASPVVKN SITKNQWLLT PSREYATKTR IGIRRGRTGQ 60

ELKEAALEPS MEKIFKIDQM GRWVAVAGGAA VGLGALCYYG LGLSNEIGAI EKAVIWPQYV 120  
KDRIHSTYMY LAGSIGLTAL SAIAISRTPV LMNFMMRGSW VTIGVTFAAM VGAGMLVRSI 180  
PYDQSPGPKH LAWLLHSGVM GAVVAPLTIL GGPLLIRAAW YTAGIVGGLS TVAMCAPSEK 240  
FLNMGAPLGV GLGLVFVSSL GSMFLPPTTR GWCHSLLSGN VRWISSFQHV PSV\* 294

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

(A) LÄNGE: 564 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 252:

25 MERELNHEKE RCDQLQAEQK GLTEVTQSLK MENEEFKKRF SDATSKAHQL EEDIVSVTHK 60  
AIEKETELDS LKDKLKKAQH EREQLECLK TEKDEKELYK VHLKNTEIEN TKLMSEVQTL 120  
KNLDGNKESV ITHFKEEIGR LQLCLAENEN LQRTFLLTTS SKEDTCFLKE QLRKAEEQVQ 180  
ATRQEVVFLA KELSDAVNVR DRTMADLHTA RLENEKVKKQ LADAVAEKLK NAMKKDQDKT 240  
DTLEHELRRR VEDLKLRLQM AADHYKEKFK ECQRLQKQIN KLSAQSANNN NVFTKKTGNQ 300  
QKVNDAVNT DPATSASTVD VKPSPSAAEA DFDIVTKGV CEMTKEIADK TEKYNKCKQL 360  
30 LQDEKAKCNK YADELAKMEL KWKEQVKIAE NVKLELAEVQ DNYKELKRSL ENPAERKMED 420  
GADGAFYPDE IQRPPVRVPS WGLEDNVVCS QPARNFSPRD GLEDSEDSKE DENVPTAPDP 480  
PSQHLRGHGT GFCFDSSFDV HKKCPLCELM FPPNYDQSKF EEHVESHVKV CPMCSEQFPP 540  
DYDQQVFERH VQTHFDQNVN NFD\* 564

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

(A) LÄNGE: 250 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 253:

5 WTGTGRGAVA IMADPDPRYP RSSIEDDFNY GSSVASATVH IRMAFLRKVY SILSLQVLLT 60  
TVTSTVFLYF ESVRTFVHES PALILLFALG SLGLIFALTl NRHKYPLNLY LLFGFTLLEA 120  
LTVAVVVTFY DVYIILQAFI LTTTVFFGLT VYTlQSKKDF SKFGAGLFAL LWILCLSGFL 180  
KFFFYSEIME LVLAAAGALL FCGFIIYDTH SLMHKLSPEE YVLAAISLYL DIINLFLHLL 240  
RFLEAVNKK\* 250

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

10 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 254:

25 RKKGETEREL SASTQTLSHL QGHLPSWPRP APTVTSASRR FIIKKNQKQS QNQNKIQKEK 60  
TWNGMRKRK GEEGRAGLW MHNSRARGLG RKIPQRPAC VALARHVVFQ GRLPHPVEI 120  
LVAGLLGGVK PVSDRQAGKG LGDGGCGRER V\* 152

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

(A) LÄNGE: 151 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 255:

50 RHAGGGALGN LPPQPPGSGV MHPETCPSTF LASPLPHSIA PGLFLLDFVL VLALFLIFFY 60  
YESPGRRGDS GSWPGPGRQV ALEMKGKLCR GAELSLCFSF FPLLLPLHTP VAGRNLGFPE 120  
SLGVPPFLPH PGGTPRAPGL FLLLFSFWAV \* 151

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

(A) LÄNGE: 276 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 256:

GRPGQSPAGA	EEPGPRDSSA	VITQISKEEA	RGPLRGKGDQ	KSAASQKPRS	RGILHSLFCC	60
VCRDDGEALP	AHSGAPLLVE	ENGAIKTPV	QYLLPEAKAQ	DSDKICVVID	LDETLVHSSF	120
KPVNNADFII	PVEIDGVVHQ	VYVLKRPHVD	EFLQRMGELF	ECVLFTASLA	KYADPVADLL	180
DKWGAFRARL	FRESCVFHRG	NYVKDLSRLG	RDLRRVLILD	NSPASVVFHP	DNAVPPASWF	240
DNMSDELHD	LLPFFEQLSR	VDDVYSVLRQ	PRPGS*			276

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 257:

MFYLAADVSD	FYVPVSEMPE	HKIQSSGGPL	QITMKMVPKL	LSPLVKDWAP	KAFIISFKLE	60
TDPAIVINRA	RKALEIQHQ	VVANILESR	QSFVFIVTKD	SETKLLLSEE	EIEKGVEIEE	120
KIVDNLQSRH	TAFIGDRN*					139

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

(A) LÄNGE: 238 Aminosäuren

(B) TYP: Protein



(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 258:

15	PYRQGC PGAA	GQAPGAPPGS	YYPGLPSGTP	GGPYGGAAPG	GPYQPPPPSS	YGAQQPGLYG	60
	QGGAPPNVDP	EAYSWFQSV	SDHSGYISMK	ELKQALVNCN	WSSFNDCTCL	MMINMFDKTK	120
	SGRIDVYGFS	ALWKFIQQWK	NLFQQYDRDR	SGSISYTELQ	QALSQMGYNL	SPQFTQLLVS	180
	RYCPRSANPA	MQLDRFIQVC	TQLQVLTEAF	REKDTAVQGN	IRLSFEDFVT	MTASRML*	238

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 259:

TNICLLSGAS	PKVTNGWAQI	NFSFASHRVA	HCGKPELVRT	PVCVFLIHTN	HNKQVCTHLY	60
EPHAKTRHSQ	RSVTRVQQRN	SRFDQNRPC	LLNCQLPLKN	LQKKGHYKNS	*	111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 260:

10 FVKILKFGPL RIILNEIYRL TCENIFHRLS LGLFIRKLFV CPPVGTFGYL ILPFQIVKAH 60  
RGVFWNHLLS HFLKSYSIVS VNI\* 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

15 (A) LÄNGE: 197 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 261:

30 PQTTCQVRRR GLWVNSHIHT QGRGKHTQVQ SSQWCRPDLL SRGCYGCPSA SPEQPGQPAP 60  
PPRLXQEGEL CPGEETDRLG DKTPAIGTCT AAATAPRTGH GDGTGREPHC PLSVCLWFCP 120  
GPAHLEPRQT GGIEQGPDPD SPLARCDWKR LMPGQHQAFC KSQSQCAESA STACAVAPQD 180  
EVTSRTGGFM QTHRHC\* 197

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

40 (A) LÄNGE: 191 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 262:

	DQLGSGGHFS	LHRLPEQTEE	SSLIVAEPSL	SPSAVSVCLH	KPSCPGRDFI	LRSHSTGRAG	60
	TFCTLALGLA	EGLVLPWHQP	LPVTSGQRAV	WTWALLNATC	LPGLQVGRTR	TEPQAHTEGA	120
5	VWLPACPIPM	PRPRGCGCCC	ACPCDGSLSV	QPVSFLPRAE	LPFLXESGRR	CRLSWLLWGS	180
	RGTAITPPGQ	*					191

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

10 (A) LÄNGE: 245 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 263:

25	EKMEAFGEA	GWEDFFSTQT	LTFQSILQMK	NADYFSNYVT	EDFTTYINRK	RKNNCHGNHI	60
	EMQAMAEMYN	RPVEVYQYST	EPINTFHGHI	QNEDEPIRVS	YHRNIHNSV	VNPNKATIGV	120
	GLGLPSFKPG	FAEQSLMKNA	IKTSEESWIE	QQMLEDKKRA	TDWEATNEAI	EEQVARESYL	180
	QWLRDQEKQA	RQVRGPSQPR	KASATCSSAT	AAASSGLEEW	TSRSPRQGVQ	PRHLSTLSCM	240
30	LNWA*						245

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

35 (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 264:

50	GFRPARCDPV	PLPTTRSVAG	LPVGRVRQLS	RPLLGPDTGS	VANIFKGLVI	LPEMSLVIRN	60
	LQRVIPIRRA	PLRSKIEIVR	RILGVQKFDL	GIICVDNKNI	QHINRIYRDR	NVPTDVLSP	120

FHEHLKAGEF PQPDFPDDYN LGDIFLGVEY IFHQCKENED YNDVLTVTAT HGLCHLLGFT 180  
HGTEAEWQQM FQKEKAVLDE LGRRTGTRLQ ALTRGLFGGS \* 221

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 265:

FFFLRSFVIY LCATPAPRSL HPSRVPLSEG TRPSAPSEEA PGQGLQPGPR ASAQLVQHRL 60  
LLEHLLPLC LRAVCESQQV TESVGGRHSQ DVIVIFIFFT LMEDILHS\* 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

- (A) LÄNGE: 372 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 266:

MSFRKVNIII LVLAVALL FLHNNFLSLS SLLRNEVTDS GIVGPQPIDF VPNALRHAVD 60  
GRQEEIPVVI AASEDLGGA IAAINSIQHN TRSNVIFYIV TLNNTADHLR SWLNSDSLKS 120  
IRYKIVNFDL KLLEGKVKED PDQGESMKPL TFARFYLPIL VPSAKKAIYM DDDVIVQGDI 180  
LALYNTALKP GHAAAFSEDC DSASTKVVR GAGNQYNYIG YLDYKKERIR KLSMKASTCS 240  
FNPGVFVANL TEWKRONITN QLEKWMKLVN EEGLYSRTLA GSITTPPLLI VFYQQHSTID 300  
PMWNVRLHGS SAGKRYSPQF VKAAKLLHWN GHLKPWGRTA SYTDVWEKWEY IPDPTGKFNL 360  
IRRYTEISNI K\* 372

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 267:

MCLLSQQSPA ASSLEGAIWR RAGTQTRALD AILYHPQQSH LVGSTALGLT LPLLYPREPE 60  
AQGWKDPVAG GG\* 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

- (A) LÄNGE: 137 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 268:

VPPCPQLREL CPGVNNQPYL CESGHCCGET GCCTYYYELW WFWLLWTVLI LFSCCCAFRH 60  
RRAKLRLLQQQ QRQVEINLLA YHGACHGAGP FPTGSLDLR FLSTFKPPAY EDVVHRPGTT 120  
SPPLYCGPKA PLEVVS 137

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

- (A) LÄNGE: 309 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 269:

10 KHATEQEKTE EGLGPNVKGI VTMLMLMLLM MFAVHCTWVT SNAYSSPSVV LASYNHDGTR 60  
NILDDFREAY FWLRQNTDEH ARVMSWWDYG YQIAGMANRT TLVDNNTWNN SHIALVGKAM 120  
SSNETAAYKI MRTLDVDYVL VIFGGVIGYS GDDINKFLWM VRIAEGEHPK DIRESDYFTP 180  
QGEFRVDKAG SPTLLNCLMY KMSYYRFGEM QLDFRTPPGF DRTRNAEIGN KDIKFKHLEE 240  
15 AFTSEHWLVR IYKVKAPDNR ETLDHKPRVT NIFPKQKYLK KTTTKRKRKY IKNKLVFKKG 300  
KKISKKTV\* 309

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

20 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 270:

35 IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60  
NSGDKKAER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH\* 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

40 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 271:

QMQHFAATLQ ASLLSGLQRL ERDRDWKGTR TEQTGYKDSK QFHALCCYRG EQNAFSKDLK 60  
TLPSLQERID ADDRRAWTDVM RTKENRWLEM TFIQGHFVRP \* 101

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

(A) LÄNGE: 21 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 272:

PRIPVTLMNK MVMPSQGLD \*

21

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

(A) LÄNGE: 137 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 273:

CPPVKALIEH EMKNGIPANR IVLGGFSQGG ALSLYTALTC PHPLAGIVAL SCWLPLHRAF 60  
PQAANGSAKD LAILQCHGEL DPMVPVRFGA LTAEKLRVSV TPARVQFKTY PGVMHSSCPQ 120  
50 EMAAVKEFLE KLLPPV\* 137

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

(A) LÄNGE: 92 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 274:

MWVLKLD RNT MNVKIPPIFC SKKKNPKNKK TNKKPRMFFG ITEISQTWVF SYSLCTFFQV 60  
LCFACSTDCV ILIFIDSSLA MQYPCLTHRC L\* 92

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 275:

ETIADNALPS TEITLESPLL GSFDCLTQDV LCHSEVFIWG RSLYGDVNDS VSGLCITSHW 60  
SETPVCQAWI LHCKT\* 76

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 276:

GGKEKTKKIQ LRNRTMIQHL QKASSISLKK ATDCASAGSE KGWAAGTAAS WVTRQQSQRL 60  
GVLRLTPLWP EHKRHWCKL SVTWPSFLSS ISPNICAHPE ELSGNSRVRA GRRGERTKRE 120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 277:

VAPFPIPTQE HRGGGEGRLS LSKSSYLHFR RKAETQSRLY INCLADRVTK THWSTCAFSS 60  
LCPSLIQTAT CQSPATLKTH GQLPGFTKLT AFLHKVKTTT ASVCGPSATT KLS 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 278:

5 PYDPACLLIF SLPLPFLSLS SRSHLPGLKY FVGIAYYIIL ADEPQDNVYT HTHTYTHTKS 60  
QLLKSGLGIR LLCPVKNSCT EVIVT\* 86

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

10 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 279:

25 NSFKVVKKLA TTWSLSIKRK QGKQTHSLDQ KKLDQVHWNQ SVTTQVTMTS VQEFFTGHR 60  
LIPSPLENS\* 70

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

30 (A) LÄNGE: 594 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 280:

45 VSEKCRIDTE ILPSLFMRCT TDLNRKDKFP AITHLKFLAR DMSEQVLLCA SSQTSSIVEC 60  
WSLRKEGLPV NNIFQQISPV VGDKQPTILK WRILSATNDL DRVSAVALPK LPISLTNTDL 120  
KVASDTQFYP GLGLALAFHD GSVHIVHRLS LQTMVAFYSS AAPRPVDEPA MKRPRTAGPA 180  
VHLKAMQLSW TSLALVGIDS HGKLSVLRLS PSMGHPLEVG LALRHLLFLL EYCMVTGYDW 240  
50 WDILLHVQPS MVQSLVEKLH EEYTRQTAAL QQVLSTRILA MKASLCKLSP CTVTRVCDYH 300  
TKLFLIAISS TLKSLLRPHF LNTPKSPGD RLTEICTKIT DVDIDKVMIN LKTEEFVLD 360

NTLQALQQLL QWVGDFVLYL LASLPNQGS LRPGHSFLRD GTSLGMLREL MVVIRIWGLL 420  
KPSCLPVYTA TSDTQDSMSL LFRLLTKLWI CCRDEGPASE PDEALVDECC LLPSQLLIPS 480  
LDWLPASDGL VSRLQPKQPL RLQFGRAPTL PGSAATLQLD GLARAPGQPK IDHLRRLHLG 540  
ACPTTECKAC TRCGCVTMLK SPNRTTAVKQ WEQRWIKNCL CGGLWWRVPL SYP\* 594

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 281:

LRGTRHQSP HRQFLIQ RCS HCFTAVVLLG DLSMVTQPHL VQALHSSVGQ APRCSLRRWS 60  
25 ILGWPGALAR PSSCRVAALP GSVGARPNC RRGCLGCRRL TRPSLAGSQS RLGISSWLGS 120  
RQHSSTSASS GSLAGPSSRQ QIQSLVSRRK SRDMLSWVSE VAVYTGRQLG FRRPQMRMTT 180  
INSRSMPEV PSRRKLWPG L SREPWLGR LA SRYSTKSP TH CKSCCSACSV FMSSTNSSVL 240  
RLIMTLSMST SVILVQISVS RSPGLLSGVL RKWGRSSDFR VELMAMRKSL VW\* 293

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 282:

TPALRARS LR DRCARAPCPH GGQORRRRRL NAEGAEGARG GGSSYSEMAE TVADTRRLIT 60  
KPQNLNDAYG PPSNFLEIDV SNPQTVGVGR GRFTTYEIRV KTNLP IFKLK ESTVRRRYS D 120  
50 FEWLRS ELER ESKVVVPPLP GKAF LRQFLL EEMMEY LMTI LLRKENKGWS SL\* 173

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

(A) LÄNGE: 107 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 283:

NYLGRFQPOW FNDNKTTHKG TSNSLIKLLS HLFHRMMRFF LFTVSHQGKK NPPTSCLFFF 60  
LMPGISIHCL FKRPMQKKVD KALAQELGLP VVVPGLPCWG VPKSVP\* 107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 284:

MGNFFFFEPG TCYVAQAGLE LLNSSDPLTS ASQIAETTGT HHCTWLKTIF LKNKSTALHL 60  
YLLVSLQFKH TINDYNILFK AGRSGSWLQL EQFITSGYLR ARKIQ 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 285:

10 TGMGGGSGCR ELLCPCKGAE TPVELRKSDG IYRVLGKPWL CLHHGERPWA GSPPSCRSVR 60  
LDADGGSDQL ASVSLRHEAA FSSGFQSHSG LPMADRVAKV RNGKCIAYYL PSPTKQIT\* 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

15 (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 286:

YANQSSSLRF KIKYKLLCFS THSGSIVPEP DCYFFILNII FPHLICLPLI HRHLEKEMGG 60  
CLLSLSLCFV PVVRLAASVA RWAWEPPWR QVAGGDRERL RGKWWHLLL\* 110

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 287:

SQLLGRLRQE NHLNSGGRGC SELRSCHCTP AWATRVKLRL KKKKKEMFFI FFMLSIQALF 60  
HGQQVIFHNV DFPK\* 75

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 288:

RRGFLHVGQA GLEFLTSGDP PASATQSAGI TGISHRERPI LLFIYFLRWS LALFRDLRPL 60  
QPSPLQF 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 289:

STRPRERRNR SVDECQLINV KXRHLVCLX CFCLYXQPDV VSXEYKXWGL LPQXLFXISX 60  
EKKNDRXXGX IXXARFXST NXNX\* 85

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 290:

15	MSXXDTXWCV XAVFAFTXNP TVFHXNTNXG XFYPXLSSXL VKKKKMIGXX XEFXGKPPXQ	60
	ALXKIXSWXX LTSLPXX*	78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

(A) LÄNGE: 310 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 291:

35	RAASGRSGSS VRMSAPRSRP ASMRWCPAPR RACTTSTRWT GPPCATSTSS ARATRTGPSC	60
	RSAGRARSAS YPPGDVDEIP DWVHQLVIQK LVEHRVIEG FVNSAVINDY QPGGCIVSHV	120
	DPIHIFERPI VSVSFFSDSA LCFGCKFQFK PIRVSEPVLS LPVRRGSVTV LSGYAADEIT	180
	HCIRPQDIKE RRAVILRKT RLDAPRLETK SLSSSVLPPS YASDRLSGNN RDPALKPKRS	240
40	HRKADPDAAH RPRILEMDKE ENRRSVLLPT HRRRGFSFSE NYWRKSYESS EDCSEAAGSP	300
	ARKVKMRRH*	310

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

(A) LÄNGE: 192 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 292:

10

SCLPEDDDCS	ALLDVLRYA	VSDFISSIST	ESHASPAHR	QGKHWRHPN	RLELELAEEA	60
QRRVAKEGHG	HDGALEDVDG	VHVGHDAAAG	LVVVDDRAVD	EALGDDAVLH	QLLDHQLMHP	120
VRDLVDVARR	VRGAPGPARA	SAAGPRTCSP	RRRSTCCAGG	PGPPCARCTG	PSRRGTPPHR	180
CGPRSWSTHP	D*					192

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

(A) LÄNGE: 479 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 293:

35

MGRCCFYTAG	TLSELLLVT	VTLLVARVFQ	KAVDQSIEKK	IVLRNGTEAF	DSWEKPPLPV	60
YTQFYFFNVT	NPEEILRGET	PRVEEVGPYT	YRELNRKANI	QFGDNGTTIS	AVSNKAYVFE	120
RDQSVGDPKI	DLIRTLNIPV	LTVIEWSQVH	FLREIEAML	KAYQKLFVT	HTVDELLWGY	180
KDEILSLIHV	FRDISPYFG	LFYEKNGTND	GDYVFLTGED	SYLNFTKIVE	WNGKTSLDWW	240
ITDKCNMING	TDGDSFHPLI	TKDEVLYVFP	SDFCRSVYIT	FSDYESVQGL	PAFRYKVPPE	300
ILANTSDNAG	FCIPEGNCLG	SGVLNVSICK	NGAPIIMSFP	HFYQADERFV	SAIEGMHPNQ	360
EDHETFVDIN	PLTGIILKAA	KRFQINIYVK	KLDDFVETGD	IRTMVFPVMY	LNESVHIDKE	420
TASRLKSMIN	TTLIITNIPY	IIMALGVFFG	LVFTWLACKG	QGSMDDEGTAD	ERAPLIRT*	479

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

45

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 294:

10 AFLPSPTVAA QAAAREHAGG HSAAKNGATG VELDIEFTSD GIPVLMHDNT VDRTTDGTGR 60  
LCDLTFEQIR KLNPAANHRL RNDFPDEKIP TLREAVAECL NNNLTIFFDV KGHAKATEA 120  
LKKMYMEFPQ LYNSVVCSE LPEVIYKMRQ TDRDVITALT HRPWSLSHTG DGKPRYDTFW 180  
KHFIFVMMDI LLDWSMHNIL WYLCGISAFI MQKDFVSPAY LKKWSAKGIQ VVGWTVNTFD 240  
EKSYYESHLG SSYITDSMVE DCEPHF\* 267

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

(A) LÄNGE: 166 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 295:

35 QILPAFILLF NGLKRAYACH AEHETEELGS DEDDIDEDGQ EYLEILAKQA GEDGDDEDWE 60  
EDDAEETALE GYSTIIDDED NPVDEYQIFK AIFQTIQNRN PVWYQALTHG LNEEQRKQLQ 120  
DIATLADQRR AAHESKMIK HGGYKFSAPV VPSSFNFGGP APGMN\* 166

**Patentansprüche**

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,  
umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247,
  - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen  
oder
  - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und 217-247, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Prostatatnormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64, 217-247, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 2500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 2000 bp aufweist.

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 5 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 10 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 15 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 20 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 25 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 30 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 35 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 40 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 45 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Ein Polypeptid gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß es aus einem Phage-Display stammt.

23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
26. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs.
27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.
28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 in sense oder antisense Form.
29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses.
30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.
31. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295.
32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
34. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der

Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247.

- 5      35.    Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
36.    Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 10    37.    Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 400 bis 1900 bp aufweist.

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

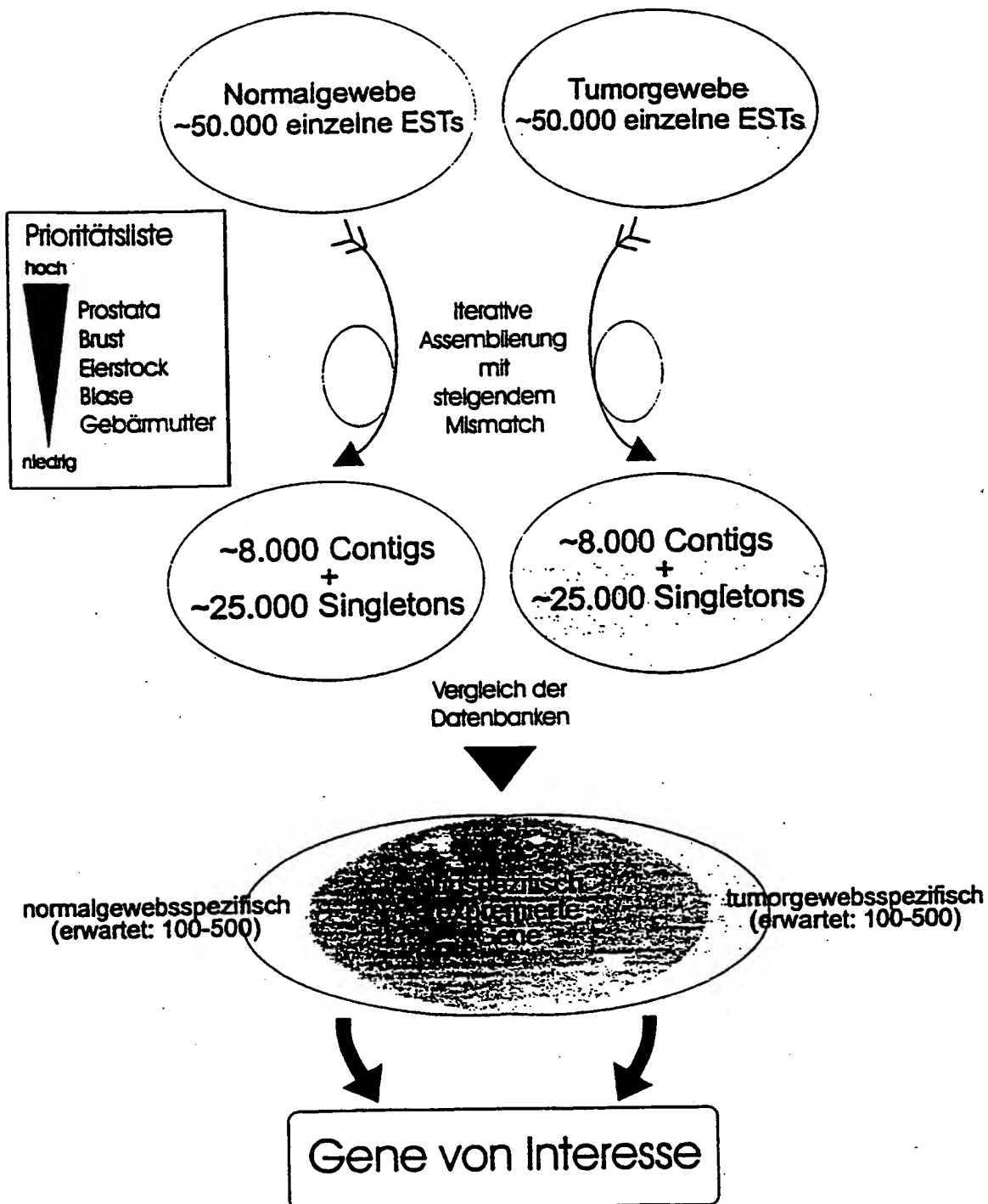


Fig. 1

2/10

# Prinzip der EST-Assemblierung

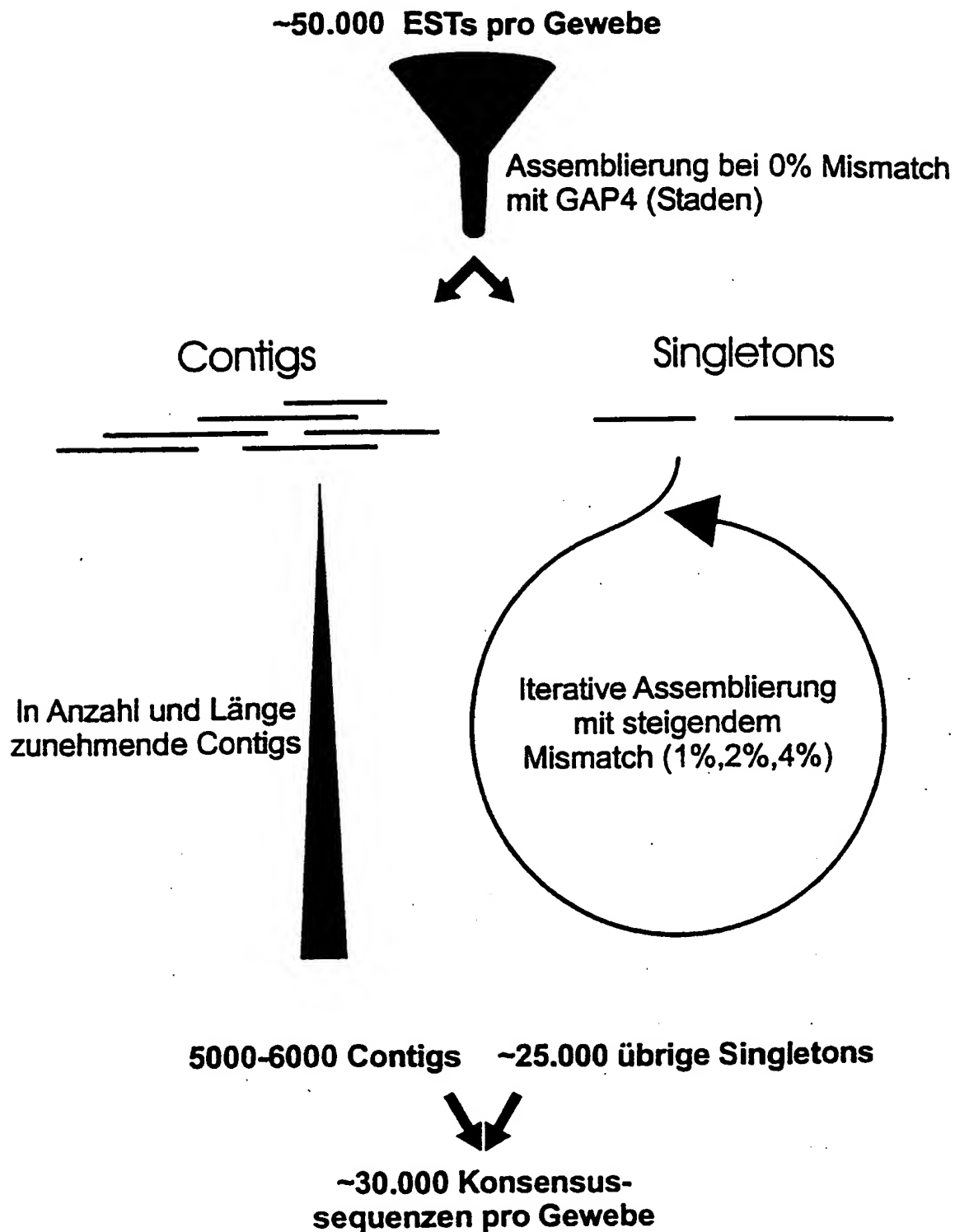


Fig. 2a

3/10

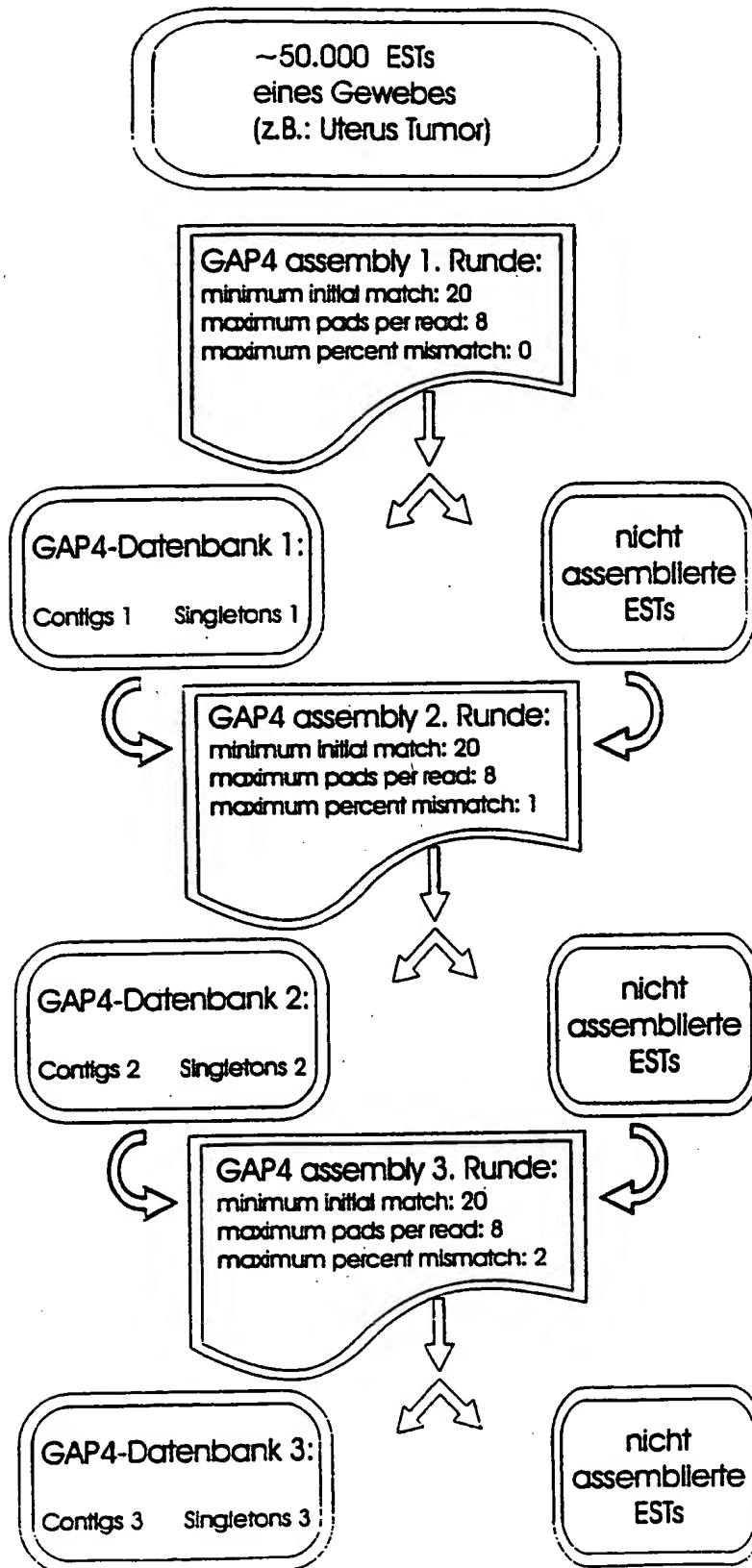


Fig. 2b1



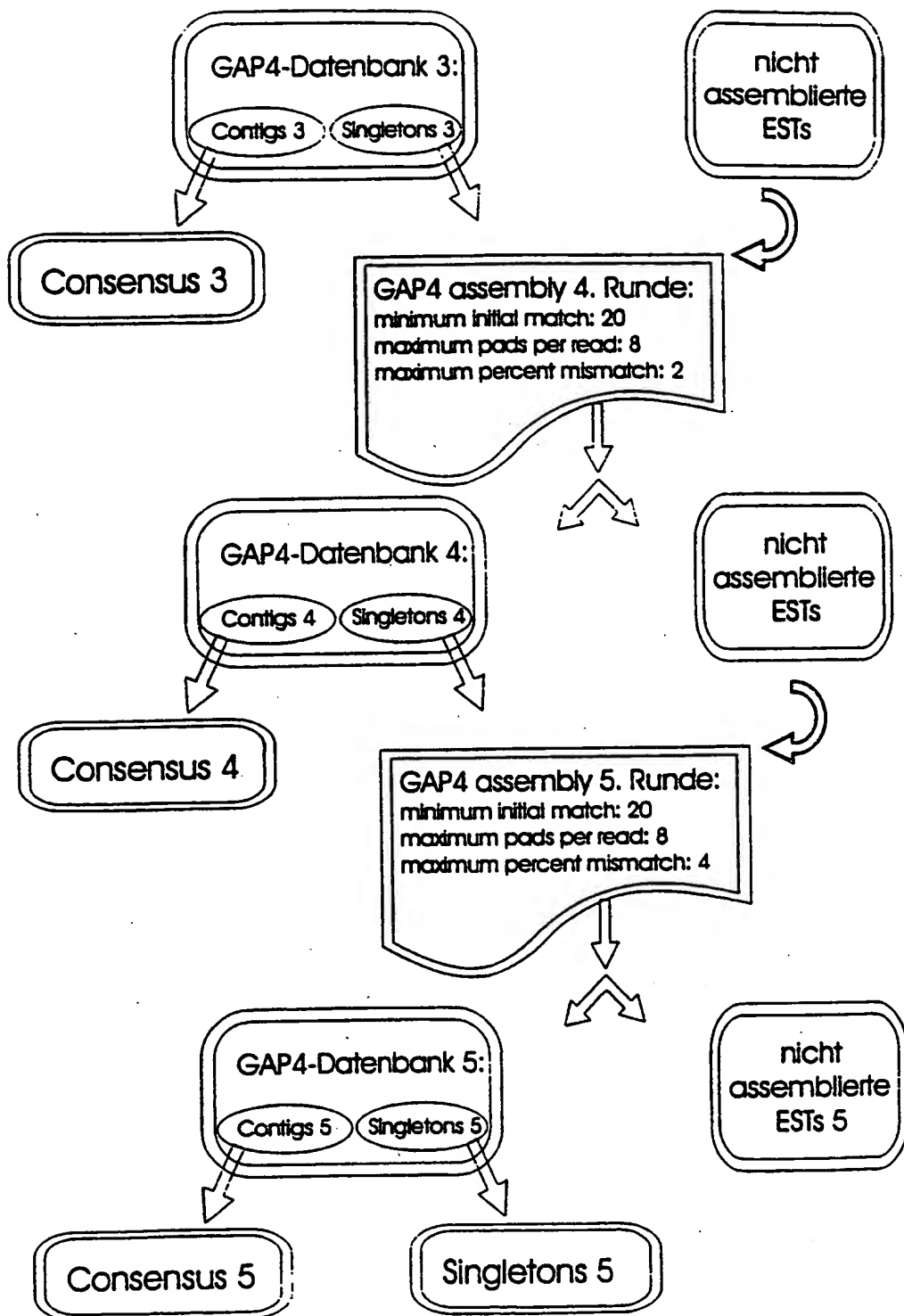


Fig. 2b2

5/10

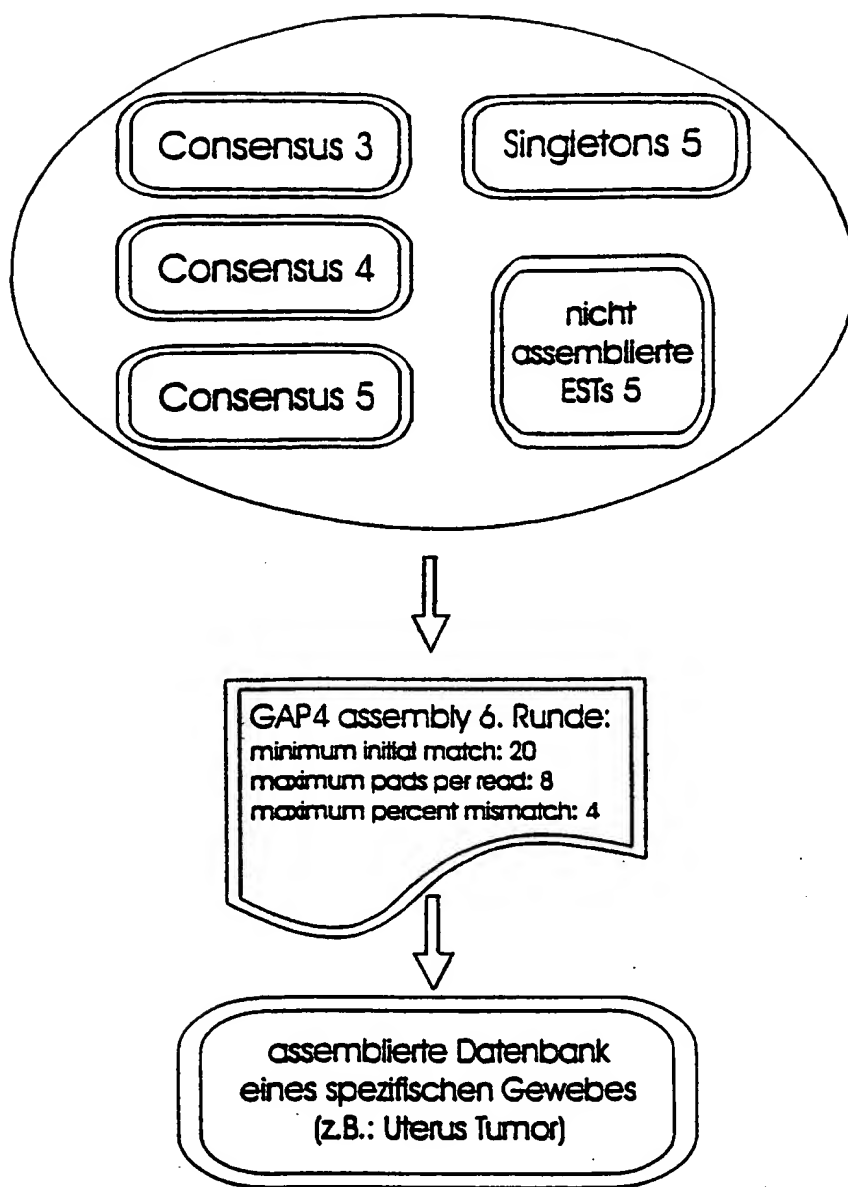


Fig. 2b3

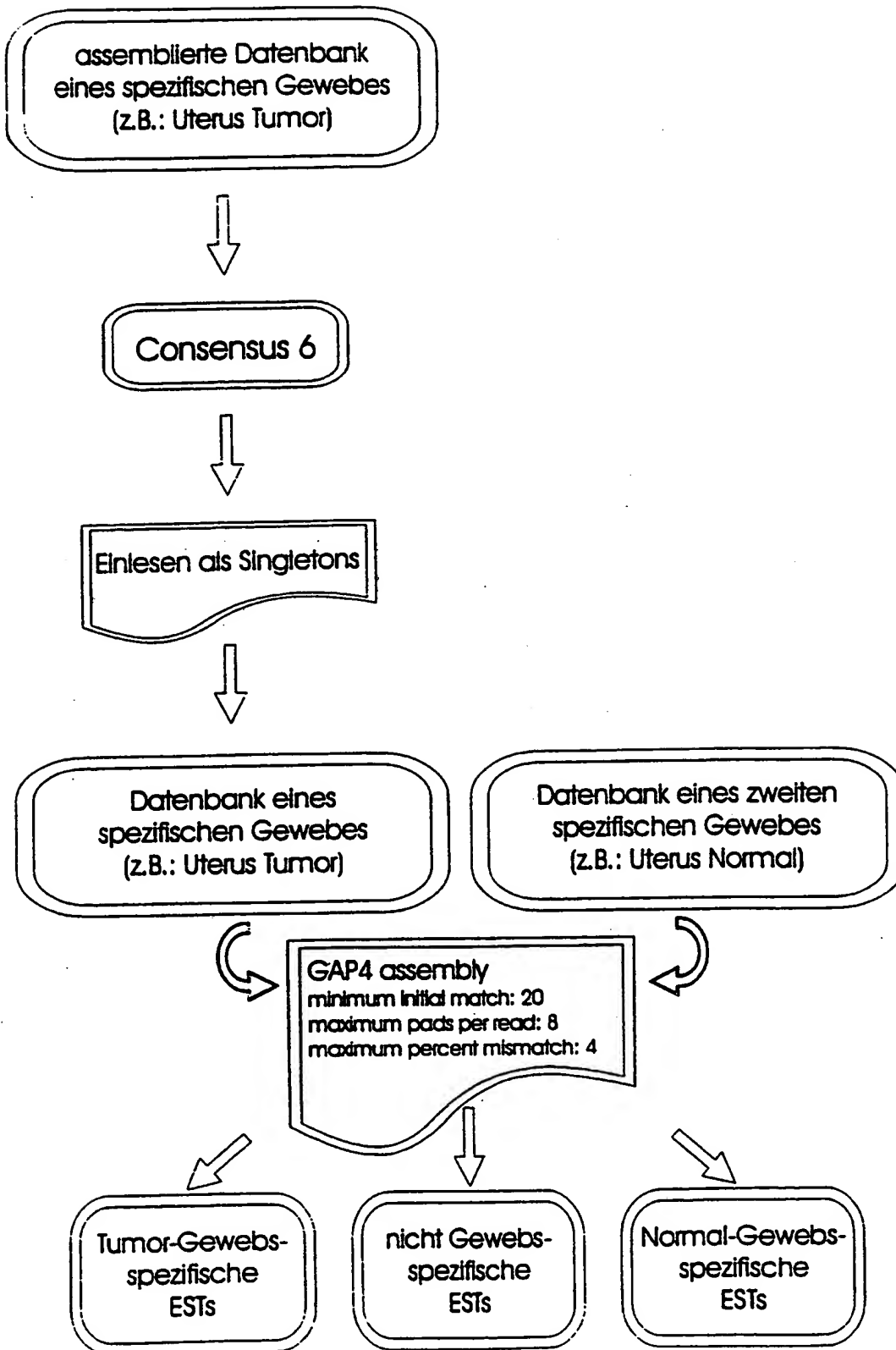


Fig. 2b4

# In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

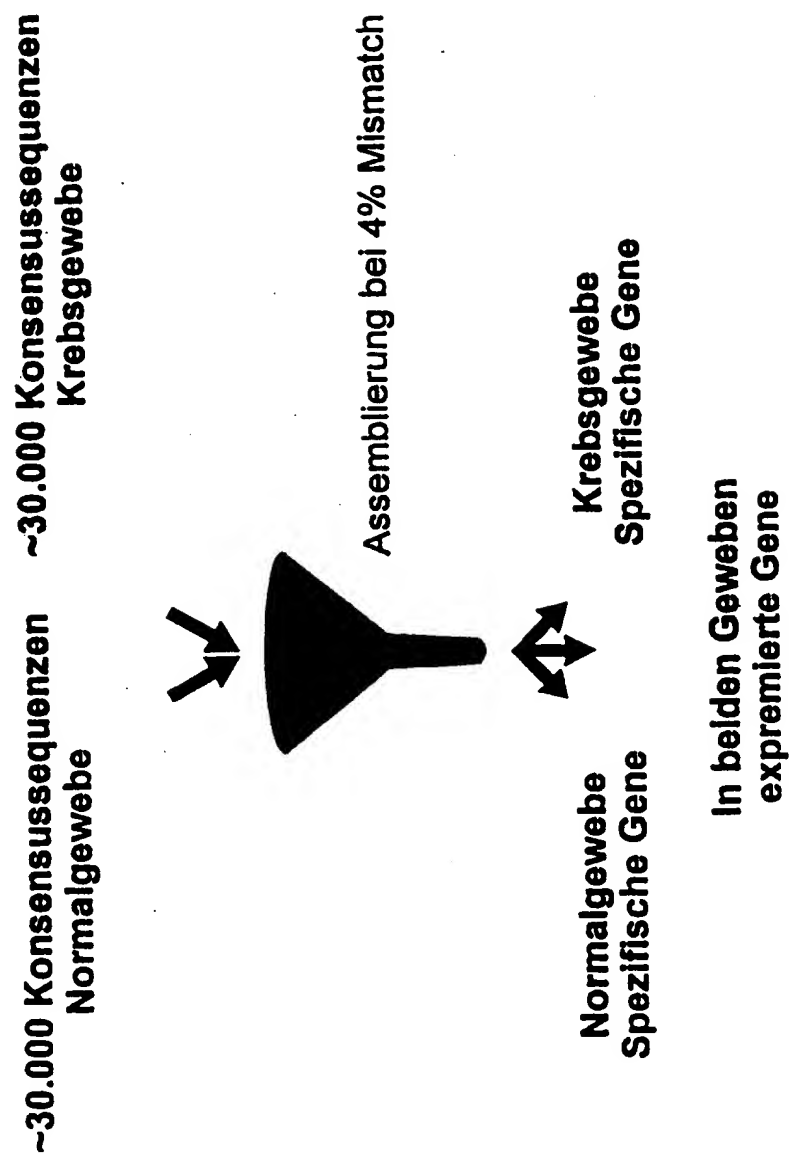


Fig. 3

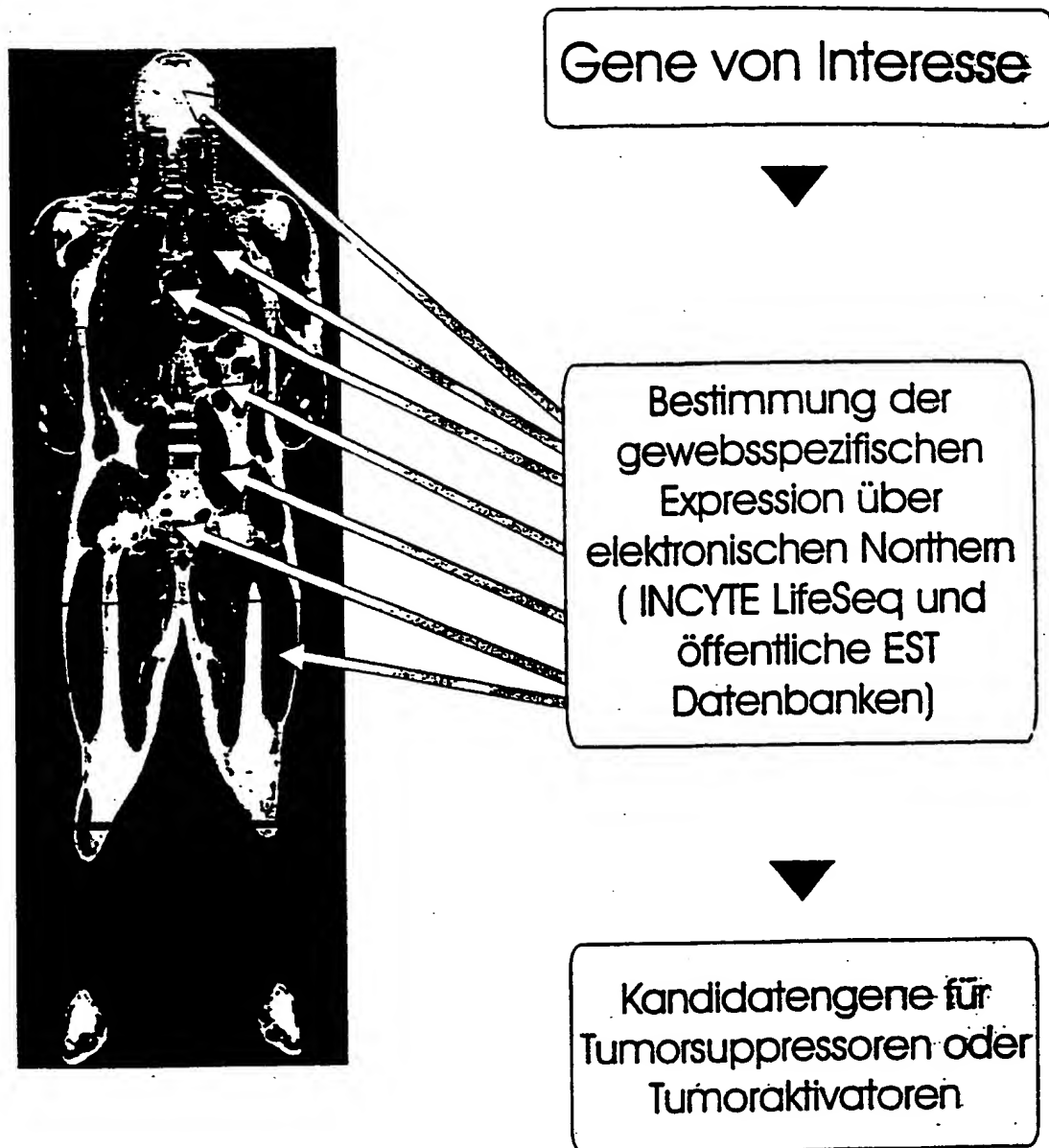


Fig. 4a

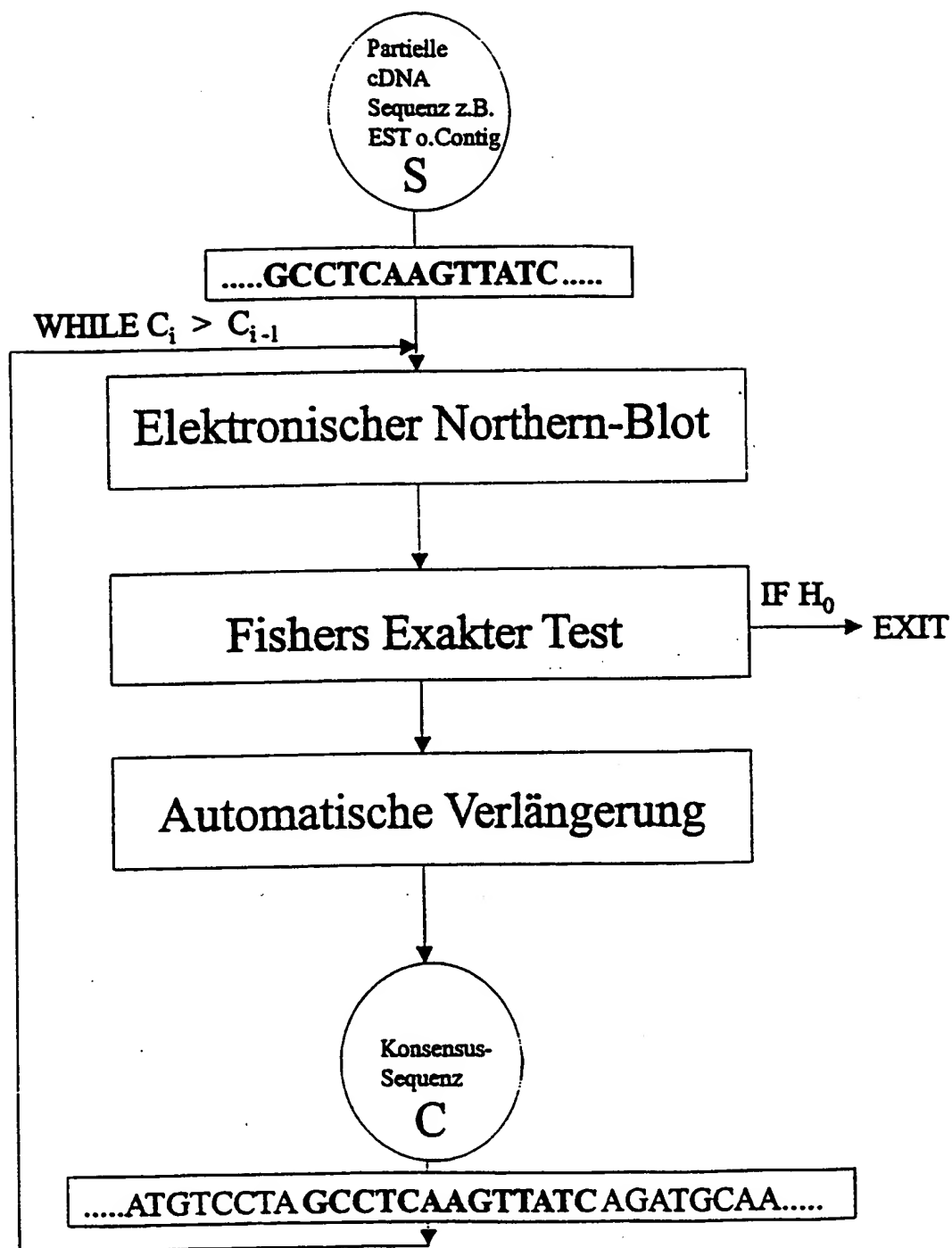


Fig. 4b

10/10

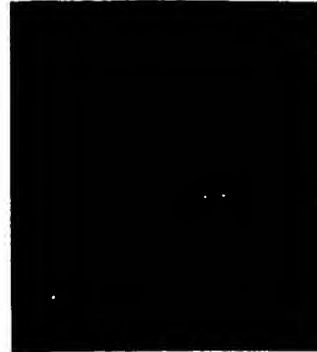
Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning  
Operations and is not part of the Official Record**

**BEST AVAILABLE IMAGES**

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

☐ **BLACK BORDERS**

☐ **IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**

☐ **FADED TEXT OR DRAWING**

☒ **BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**

☐ **SKEWED/SLANTED IMAGES**

☐ **COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**

☐ **GRAY SCALE DOCUMENTS**

☐ **LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**

☐ **REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**

☐ **OTHER:** \_\_\_\_\_

**IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.**

**As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.**